

PCT/JP 99/06412

17.11.99

4

別紙添付の書類に記載されている事項は下記の出願書類に記載されている事項と同一であることを証明する。

This is to certify that the annexed is a true copy of the following application as filed with this Office.

5899/6412

出願年月日  
Date of Application:

1999年 4月27日

出願番号  
Application Number:

平成11年特許願第119299号

出願人  
Applicant(s): -

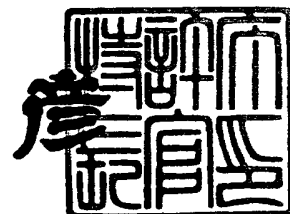
財団法人相模中央化学研究所  
株式会社プロテジーン

**PRIORITY  
DOCUMENT**  
SUBMITTED OR TRANSMITTED IN  
COMPLIANCE WITH RULE 17.1(a) OR (b)

1999年12月24日

特許庁長官  
Commissioner,  
Patent Office

近藤 隆彦



出証番号 出証特平11-3089744

【書類名】 特許願  
 【整理番号】 S018197  
 【提出日】 平成11年 4月27日  
 【あて先】 特許庁長官殿  
 【発明者】

【住所又は居所】 神奈川県相模原市若松 3 - 4 6 - 5 0

【氏名】 加藤 誠志

【発明者】

【住所又は居所】 神奈川県川崎市多摩区西生田 4 - 1 - 2 8 - 3 0 2

【氏名】 木村 知子

【特許出願人】

【代表出願人】

【識別番号】 000173762

【住所又は居所】 神奈川県相模原市西大沼 4 丁目 4 番 1 号

【氏名又は名称】 財団法人相模中央化学研究所

【代表者】 寺島 孜郎

【電話番号】 042(742)4791

【特許出願人】

【識別番号】 596134998

【住所又は居所】 東京都目黒区中町 2 丁目 2 0 番 3 号

【氏名又は名称】 株式会社プロテジーン

【代表者】 棚井 丈雄

【電話番号】 03(3792)1019

【手数料の表示】

【予納台帳番号】 011501

【納付金額】 21,000円

【提出物件の目録】

【物件名】 明細書 1

【物件名】 図面 1

特平 1 1 - 1 1 9 2 9 9

【物件名】

要約書 1

【プルーフの要否】

要

【書類名】 明細書

【発明の名称】 疎水性ドメインを有するヒトプロテインおよびそれをコードするDNA

【特許請求の範囲】

【請求項1】 配列番号1から配列番号10で表されるアミノ酸配列のいずれかを含む蛋白質。

【請求項2】 請求項1記載の蛋白質のいずれかをコードするDNA。

【請求項3】 配列番号11から配列番号20で表される塩基配列のいずれかを含むcDNA。

【請求項4】 配列番号21から配列番号30で表される塩基配列のいずれかからなる、請求項3記載のcDNA。

【請求項5】 請求項2から請求項4のいずれかに記載のDNAをインビトロ翻訳あるいは真核細胞内で発現しうる発現ベクター。

【請求項6】 請求項2から請求項4のいずれかに記載のDNAを発現し、請求項1記載の蛋白質を生産しうる形質転換真核細胞。

【発明の詳細な説明】

【0001】

【発明の属する技術分野】

本発明は、疎水性ドメインを有するヒト蛋白質、それをコードしているDNA、このDNAの発現ベクター、およびこのDNAを発現させた真核細胞に関する。本発明の蛋白質は、医薬品として、あるいはこの蛋白質に対する抗体を作製するための抗原として用いることができる。本発明のヒトcDNAは、遺伝子診断用プローブや遺伝子治療用遺伝子源として用いることができる。また、このcDNAがコードしている蛋白質を大量生産するための遺伝子源として用いることができる。これらの遺伝子を導入して分泌蛋白質や膜蛋白質を大量発現させた細胞は、対応するレセプターやリガンドの検出、新しい低分子医薬のスクリーニングなどに利用できる。

【0002】

【従来の技術】



細胞は多くの蛋白質を細胞外に分泌している。これらの分泌蛋白質は、細胞の増殖制御、分化誘導、物質輸送、生体防御などにおいて重要な役割を果たしている。分泌蛋白質は細胞内蛋白質と異なり細胞外で作用するので、注射や点滴などによる体内投与が可能であり、医薬としての可能性を秘めている。事実、インターフェロン、インターロイキン、エリスロポイエチン、血栓溶解剤など、多くのヒト分泌蛋白質が現在医薬として使用されている。また、これら以外の分泌蛋白質についても臨床試験が進行中であり、医薬品を目指した用途開発がなされている。ヒト細胞は、まだ多くの未知の分泌蛋白質を生産していると考えられており、これらの分泌蛋白質並びにそれをコードしている遺伝子が入手できれば、これらを用いた新しい医薬品開発が期待できる。

## 【0003】

一方、膜蛋白質は、シグナルレセプター、イオンチャネル、トランスポーターなどとして、細胞膜を介する物質輸送や情報伝達において重要な役割を担っている。例えば、各種サイトカインに対するレセプター、ナトリウムイオン・カリウムイオン・塩素イオン等に対するイオンチャネル、糖・アミノ酸等に対するトランスポーターなどが知られており、その多くはすでに遺伝子もクローン化されている。これらの膜蛋白質の異常は、これまで原因不明であった多くの病気と関連していることがわかってきた。従って、新しい膜蛋白質が見い出せれば、多くの病気の原因解明につながるものと期待され、膜蛋白質をコードする新たな遺伝子の単離が望まれている。

## 【0004】

従来、これらの分泌蛋白質や膜蛋白質は、ヒト細胞から精製することが困難なので、遺伝子の方からのアプローチによって単離されたものが多い。一般的な方法は、cDNAライブラリーを真核細胞に導入して、cDNAを発現させたのち、目的とする活性を有する蛋白質を分泌発現あるいは膜表面上に発現している細胞をスクリーニングする、いわゆる発現クローニング法である。しかしこの方法では機能のわかった蛋白質の遺伝子しかクローン化できない。

## 【0005】

一般に分泌蛋白質や膜蛋白質は、蛋白質内部に少なくとも一個所疎水性ドメイ

ンを有しており、リボソームで合成された後、このドメインが分泌シグナルとして働いたり、リン脂質膜内に留まり膜にトラップされる。従って、完全長 cDNA の全塩基配列を決定してやり、その cDNA がコードしている蛋白質のアミノ酸配列の中に疎水性の高い領域が存在すれば、その cDNA は分泌蛋白質や膜蛋白質をコードしていると考えられる。

## 【0006】

## 【発明が解決しようとする課題】

本発明の目的は、疎水性ドメインを有する新規のヒト蛋白質、この蛋白質をコードする DNA、この DNA の発現ベクター、およびこの DNA を発現しうる形質転換真核細胞を提供することである。

## 【0007】

## 【課題を解決するための手段】

本発明者らは鋭意研究の結果、ヒト完全長 cDNA バンクの中から疎水性ドメインを有する蛋白質をコードする cDNA をクローン化し、本発明を完成した。すなわち、本発明は疎水性ドメインを有するヒト蛋白質である、配列番号 1 から配列番号 10 で表されるアミノ酸配列のいずれかを含む蛋白質を提供する。また本発明は上記蛋白質をコードする DNA、例えば配列番号 11 から配列番号 30 で表される塩基配列のいずれかを含む cDNA、並びにこの DNA をインビトロ翻訳あるいは真核細胞内で発現しうる発現ベクター、及びこの DNA を発現し上記蛋白質を生産しうる形質転換真核細胞を提供する。

## 【0008】

## 【発明の実施の形態】

本発明の蛋白質は、ヒトの臓器、細胞株などから単離する方法、本発明のアミノ酸配列に基づき化学合成によってペプチドを調製する方法、あるいは本発明の疎水性ドメインをコードする DNA を用いて組換え DNA 技術で生産する方法などにより取得することができるが、組換え DNA 技術で取得する方法が好ましく用いられる。例えば、本発明の cDNA を有するベクターからインビトロ転写によって RNA を調製し、これを鋳型としてインビトロ翻訳を行なうことによりインビトロで蛋白質を発現できる。また翻訳領域を公知の方法により適当な発現ベ

クターに組換えてやれば、大腸菌、枯草菌等の原核細胞や、酵母、昆虫細胞、哺乳動物細胞等の真核細胞で、コードしている蛋白質を大量に発現させることができる。

## 【0009】

本発明の蛋白質を、インビトロ翻訳でDNAを発現させて生産させる場合には、このcDNAの翻訳領域を、RNAポリメラーゼプロモーターを有するベクターに組換え、プロモーターに対応するRNAポリメラーゼを含む、ウサギ網状赤血球溶解物や小麦胚芽抽出物などのインビトロ翻訳系に添加してやれば、本発明の蛋白質をインビトロで生産することができる。RNAポリメラーゼプロモーターとしては、T7、T3、SP6などが例示できる。これらのRNAポリメラーゼプロモーターを含むベクターとしては、pKA1、pCDM8、pT3/T7 18、pT7/3 19、pBluescript IIなどが例示できる。また、反応系にイヌ脾臓ミクロソームなどを添加してやれば、本発明の蛋白質を分泌型あるいはミクロソーム膜に組み込まれた形で発現することができる。

## 【0010】

本発明の蛋白質を、大腸菌などの微生物でDNAを発現させて生産させる場合には、微生物中で複製可能なオリジン、プロモーター、リボソーム結合部位、cDNAクローニング部位、ターミネーター等を有する発現ベクターに、本発明のcDNAの翻訳領域を組換えた発現ベクターを作成し、この発現ベクターで宿主細胞を形質転換したのち、得られた形質転換体を培養してやれば、このcDNAがコードしている蛋白質を微生物内で大量生産することができる。この際、任意の翻訳領域の前後に開始コドンと停止コドンを付加して発現させてやれば、任意の領域を含む蛋白質断片を得ることができる。あるいは、他の蛋白質との融合蛋白質として発現させることもできる。この融合蛋白質を適当なプロテアーゼで切断することによってこのcDNAがコードする蛋白質部分のみを取得することもできる。大腸菌用発現ベクターとしては、pUC系、pBluescript II、pET発現システム、pGEX発現システムなどが例示できる。

## 【0011】

本発明の蛋白質を、真核細胞でDNAを発現させて生産させる場合には、この

cDNAの翻訳領域を、プロモーター、スプライシング領域、ポリ(A)付加部位等を有する真核細胞用発現ベクターに組換え、真核細胞内に導入してやれば、本発明の蛋白質を分泌生産あるいは膜蛋白質として細胞膜表面上で生産することができる。発現ベクターとしては、pKA1、pED6dpc2、pCDM8、pSVK3、pMSG、pSVL、pBK-CMV、pBK-RSV、EBVベクター、pRS、pYES2などが例示できる。真核細胞としては、サル腎臓細胞COS7、チャイニーズハムスター卵巣細胞CHOなどの哺乳動物培養細胞、出芽酵母、分裂酵母、カイコ細胞、アフリカツメガエル卵細胞などが一般に用いられるが、本蛋白質を発現できるものであれば、いかなる真核細胞でもよい。発現ベクターを真核細胞に導入するには、電気穿孔法、リン酸カルシウム法、リポソーム法、DEAEデキストラン法など公知の方法を用いることができる。

#### 【0012】

本発明の蛋白質を原核細胞や真核細胞で発現させたのち、培養物から目的蛋白質を単離精製するためには、公知の分離操作を組み合わせて行うことができる。例えば、尿素などの変性剤や界面活性剤による処理、超音波処理、酵素消化、塩析や溶媒沈殿法、透析、遠心分離、限外濾過、ゲル濾過、SDS-PAGE、等電点電気泳動、イオン交換クロマトグラフィー、疎水性クロマトグラフィー、アフィニティークロマトグラフィー、逆相クロマトグラフィーなどがあげられる。

#### 【0013】

本発明の蛋白質には、配列番号1から配列番号10で表されるアミノ酸配列のいかなる部分アミノ酸配列を含むペプチド断片(5アミノ酸残基以上)も含まれる。これらのペプチド断片は抗体を作製するための抗原として用いることができる。また、本発明の蛋白質の中でシグナル配列を有するものは、シグナル配列が除去された後、成熟蛋白質の形で分泌される。したがって、これらの成熟蛋白質は本発明の蛋白質の範疇にはいる。成熟蛋白質のN末端アミノ酸配列は、シグナル配列切断部位決定法[特開平8-187100]を用いて容易に求めることができる。また、いくつかの膜蛋白質は、細胞表面でプロセッシングを受けて分泌型となる。このような分泌型となった蛋白質あるいはペプチドも本発明の蛋白質の

範疇にはいる。アミノ酸配列の中に糖鎖結合部位が存在すると、適当な真核細胞で発現させれば糖鎖が付加した蛋白質が得られる。したがって、このような糖鎖が付加した蛋白質あるいはペプチドも本発明の蛋白質の範疇にはいる。

## 【0014】

本発明のDNAには、上記蛋白質をコードするすべてのDNAが含まれる。このDNAは、化学合成による方法、cDNAクローニングによる方法などを用いて取得することができる。

## 【0015】

本発明のcDNAは、例えばヒト細胞由来cDNAライブラリーからクローン化することができる。cDNAはヒト細胞から抽出したポリ(A)<sup>+</sup>RNAを鋳型として合成する。ヒト細胞としては、人体から手術などによって摘出されたものでも培養細胞でも良い。cDNAは、岡山-Berg法[Okayama, H. and Berg, P., Mol. Cell. Biol. 2:161-170 (1982)]、Gubler-Hoffman法[Gubler, U. and Hoffman, J., Gene 25:263-269 (1983)]などいかなる方法を用いて合成してもよいが、完全長クローンを効率的に得るためには、実施例にあげたようなキャッピング法[Kato, S. et al., Gene 150:243-250 (1994)]を用いることが望ましい。また市販のヒトcDNAライブラリーを用いることもできる。cDNAライブラリーから本発明のcDNAをクローン化するには、本発明のcDNAの任意の部分の塩基配列に基づいてオリゴヌクレオチドを合成し、これをプローブとして用いて、公知の方法によりコロニーあるいはプラークハイブリダイゼーションによるスクリーニングを行えばよい。また、目的とするcDNA断片の両末端にハイブリダイズするオリゴヌクレオチドを合成し、これをプライマーとして用いて、ヒト細胞から単離したmRNAからRT-PCR法により、本発明のcDNA断片を調製することもできる。

## 【0016】

本発明のcDNAは、配列番号11から配列番号20で表される塩基配列あるいは配列番号21から配列番号30で表される塩基配列のいずれかを含むことを

特徴とするものである。それぞれのクローン番号（HP番号）、cDNAクローンが得られた細胞、cDNAの全塩基数、コードしている蛋白質のアミノ酸残基数をそれぞれ表1にまとめて示した。

【0017】

表1

配列番号	HP番号	細胞	塩基数	アミノ酸 残基数
1、11、21	HP03194	KB	3438	303
2、12、22	HP03219	PMA-U937	1144	283
3、13、23	HP03236	HT-1080	2339	488
4、14、24	HP03237	HT-1080	1756	182
5、15、25	HP03267	肝臓	1418	184
6、16、26	HP03270	PMA-U937	1211	140
7、17、27	HP03298	PMA-U937	1099	153
8、18、28	HP10631	WERI-RB	3489	173
9、19、29	HP10658	HT-1080	931	75
10、20、30	HP10663	PMA-U937	1123	159

【0018】

なお、配列番号11から配列番号30のいずれかに記載のcDNAの塩基配列に基づいて合成したオリゴヌクレオチドプローブを用いて、本発明で用いたヒト細胞株やヒト組織から作製したcDNAライブラリーをスクリーニングすることにより、本発明のcDNAと同一のクローンを容易に得ることができる。

【0019】

一般にヒト遺伝子は個体差による多型が頻繁に認められる。従って配列番号11から配列番号30において、1又は複数個のヌクレオチドの付加、欠失および／又は他のヌクレオチドによる置換がなされているcDNAも本発明の範疇には

いる。

#### 【0020】

同様に、これらの変更によって生じる、1又は複数個のアミノ酸の付加、欠失および／又は他のアミノ酸による置換がなされている蛋白質も、配列番号1から配列番号10で表されるアミノ酸配列を有するそれぞれの蛋白質の活性を有する限り、本発明の範疇に入る。

#### 【0021】

本発明のcDNAには、配列番号11から配列番号20で表される塩基配列あるいは配列番号21から配列番号30で表される塩基配列のいかなる部分塩基配列を含むcDNA断片(10bp以上)も含まれる。また、センス鎖およびアンチセンス鎖からなるDNA断片もこの範疇にはいる。これらのDNA断片は遺伝子診断用のプローブとして用いることができる。

#### 【0022】

##### 【実施例】

次に実施例により発明を具体的に説明するが、本発明はこれらの例に限定されるものではない。DNAの組換えに関する基本的な操作および酵素反応は、文献["Molecular Cloning. A Laboratory Manual", Cold Spring Harbor Laboratory, 1989]に従った。制限酵素および各種修飾酵素は特に記載の無い場合宝酒造社製のものを用了。各酵素反応の緩衝液組成、並びに反応条件は付属の説明書に従った。cDNA合成は文献[Kato, S. et al., Gene 150:243-250 (1994)]に従った。

#### 【0023】

(1) 疎水性ドメインを有する蛋白質をコードしているcDNAの選別

cDNAライブラリーとして、フィブロサルコーマ細胞株HT-1080 cDNAライブラリー(WO98/11217)、骨肉腫細胞株Saos-2 cDNAライブラリー(WO97/33993)、類表皮癌細胞株KB cDNAライブラリー(WO98/11217)、手術によって摘出された肝臓組織cDNAライブラリー(WO98/21328)を用いた。また、ホルボールエステルで刺

激した組織球リンホーマ細胞株U937 (ATCC CRL 1593) mRNA、ヒトレチノブラストーマ細胞株WERI-RB (ATCC HTB 169) mRNA、ヒト胸腺mRNA (Clontech社製) から作製したcDNAライブラリーを用いた。

個々のライブラリーから完全長cDNAクローンを選択し、その全塩基配列決定を行い、完全長cDNAクローンからなるホモ・プロテインcDNAバンクを構築した。ホモ・プロテインcDNAバンクに登録された完全長cDNAクローンがコードしている蛋白質について、Kyte-Doolittleの方法 [Kyte, J. & Doolittle, R. F., J. Mol. Biol. 157: 105-132 (1982)] により、疎水性/親水性プロフィールを求め、疎水性ドメインの有無を調べた。コードしている蛋白質のアミノ酸配列中に分泌シグナルや膜貫通ドメインと思われる疎水的な領域があるクローンを候補クローンとして選別した。

【0024】

## (2) インビトロ翻訳による蛋白質合成

本発明のcDNAを有するプラスミドベクターを用いて、T<sub>N</sub>Tウサギ網状赤血球溶解物キット (プロメガ社製) によるインビトロ転写/翻訳を行なった。この際 [<sup>35</sup>S] メチオニンを添加し、発現産物をラジオアイソトープでラベルした。いずれの反応もキットに付属のプロトコールに従って行なった。プラスミド2 μgを、T<sub>N</sub>Tウサギ網状赤血球溶解物12.5 μl、緩衝液 (キットに付属) 0.5 μl、アミノ酸混合液 (メチオニンを含まない) 2 μl、 [<sup>35</sup>S] メチオニン (アマーシャム社) 2 μl (0.37 MBq/μl)、T7 RNAポリメラーゼ0.5 μl、RNasin 20 Uを含む総量25 μlの反応液中で30℃で90分間反応させた。また、膜系存在下の実験は、この反応系に、イヌ脾臓ミクロソーム画分 (プロメガ) 2.5 μlを添加して行なった。反応液3 μlにSDSサンプリングバッファー (125 mMトリス塩酸緩衝液、pH 6.8、120 mM 2-メルカプトエタノール、2% SDS溶液、0.025% ブロモフェノールブルー、20% グリセロール) 2 μlを加え、95℃ 3分間加熱処理した後、SDS-ポリアクリルアミドゲル電気泳動にかけた。オートラジオグラフィー



を行ない、翻訳産物の分子量を求めた。

# 【0025】

## (3) COS 7 による発現

本発明の蛋白質の発現ベクターを有する大腸菌を  $100 \mu\text{g}/\text{ml}$  アンピシリン含有 2 x YT 培地 2 ml 中で  $37^\circ\text{C}$  2 時間培養した後、ヘルパーファージ M13 KO7 ( $50 \mu\text{l}$ ) を添加し、 $37^\circ\text{C}$  で一晩培養した。遠心によって分離した上澄からポリエチレングリコール沈殿によって一本鎖ファージ粒子を得た。これを  $100 \mu\text{l}$  の  $1 \text{ mM}$  トリス-0.1 mM EDTA、pH 8 (TE) に懸濁した。

# 【0026】

サル腎臓由来培養細胞 COS 7 は、10% ウシ胎児血清を含むダルベッコ改変イーグル (DMEM) 培地中、5%  $\text{CO}_2$  存在下、 $37^\circ\text{C}$  で培養した。 $1 \times 10^5$  個の COS 7 細胞を 6 穴プレート (ヌンク社、穴の直径 3 cm) に植え、5%  $\text{CO}_2$  存在下、 $37^\circ\text{C}$  で 22 時間培養した。培地除去後、リン酸緩衝液で細胞表面を洗浄し、さらに 50 mM トリス塩酸 (pH 7.5) を含む DMEM (TDMEM) で再度洗浄した。この細胞に一本鎖ファージ懸濁液  $1 \mu\text{l}$ 、DMEM 培地 0.6 ml、TRANSFECTAM<sup>TM</sup> (IBF 社)  $3 \mu\text{l}$  を懸濁したものを添加し、5%  $\text{CO}_2$  存在下、 $37^\circ\text{C}$  で 3 時間培養した。サンプル液を除去後、TDMEM で細胞表面を洗浄し、10% ウシ胎児血清含有 DMEM を 1 穴あたり 2 ml 加え、5%  $\text{CO}_2$  存在下、 $37^\circ\text{C}$  にて 2 日間培養した。培地を [ $^{35}\text{S}$ ] システインあるいは [ $^{35}\text{S}$ ] メチオニンを含む培地に交換した後、1 時間培養した。遠心分離によって、培地と細胞を分けたあと、培地面分と細胞膜面分の蛋白質を SDS-PAGE にかけた。

# 【0027】

## (4) クローン例

<HP03194> (配列番号 1、11、21)

ヒト類表皮癌細胞株 KB cDNA ライブラリーから得られたクローン HP03194 の cDNA インサートの全塩基配列を決定したところ、120 bp の 5' 非翻訳領域、912 bp の ORF、2406 bp の 3' 非翻訳領域からなる構造

を有していた。ORFは303アミノ酸残基からなる蛋白質をコードしており、4個の推定膜貫通ドメインが存在した。図1にKyte-Doolittleの方法で求めた本蛋白質の疎水性／親水性プロフィールを示す。インビトロ翻訳の結果、高分子量の翻訳産物が生成した。

## 【0028】

本蛋白質のアミノ酸配列を用いてプロテインデータベースを検索したところ、マウス過分極活性化カチオンチャンネルHAC3 (GenBankアクセション番号AJ225124) と類似性を有していた。表2に、本発明のヒト蛋白質 (HP) とマウス過分極活性化カチオンチャンネルHAC3 (MM) のアミノ酸配列の比較を示す。－はギャップを、\*は本発明の蛋白質と同一アミノ酸残基を、. は本発明の蛋白質と類似アミノ酸残基をそれぞれ表す。N末端側293アミノ酸残基の領域において、92.5%の相同性を有していた。

## 【0029】

表2

```

-----

HS MEAEQRPAAGASEGATPGLEAVPPVAPPPATAASGPIPKSGPEPKRRHLGTLLQPTVNKF
  *.*.*****.*.***. *. **.*.*. * ***** .*.*.*****.*****
MM MEEEARPAAGAGEAATPARET-PPAAPAQARAASGGVPESAPEPKRRQLGTLLQPTVNKF

HS SLRVFGSHKAVEIEQERVKSAGAWI IHPYSDFRFYWDLIMLLLMVGNLIVLPVGITFFKE
  *****
MM SLRVFGSHKAVEIEQERVKSAGAWI IHPYSDFRFYWDLIMLLLMVGNLIVLPVGITFFKE

HS ENSPPWIVFNVLSDTFFLLDLVLNFRGTGIVVEEGAEILLAPRAIRTRYLRTWFLVDLISS
  *****
MM ENSPPWIVFNVLSDTFFLLDLVLNFRGTGIVVEEGAEILLAPRAIRTRYLRTWFLVDLISS

HS IPVVDYIFLVVELEPRLDAEVYKTARALRIVRFTKILSLLRLLRLSRLIRYIHQWEEIFHM

```

\*\*\*\*\*  
MM IPVDYIFLVVELEPRLDAEVYKTARALRIVRFTKILSLLRLLRSLIRYIHQWEEIFHM

HS TYDLASAVVRIFNLIGMMLLLCHWDGCLQFLVPMLQDFPPDCWVSINHMVVRSPHSSAFP

\*\*\*\*\*.\*\*\*\*\*.\*.\*.\*

MM TYDLASAVVRIFNLIGMMLLLCHWDGCLQFLVPMLQDFPDCWVSMNRMVNHWSGRQYSH

HS GPS

MM ALFKAMSHMLCIGYGQAPVGMPDVWLTMLSMIVGATCYAMFIGHATALIQSLDSSRRQY

-----  
【0030】

また、本cDNAの塩基配列を用いてGenBankを検索したところ、ESTの中に、90%以上の相同性を有するもの（例えば、アクセシオン番号A1571225）が登録されていたが、部分配列なので本発明の蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

【0031】

<HP03219>（配列番号2、12、22）

ヒトリンホーマ細胞株U937cDNAライブラリーから得られたクローンHP03219のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、55bpの5'非翻訳領域、852bpのORF、237bpの3'非翻訳領域からなる構造を有していた。ORFは283アミノ酸残基からなる蛋白質をコードしており、4個の推定膜貫通ドメインが存在した。図2にKyte-Doolittleの方法で求めた本蛋白質の疎水性／親水性プロフィールを示す。インビトロ翻訳の結果、高分子量の翻訳産物が生成した。

【0032】

本蛋白質のアミノ酸配列を用いてプロテインデータベースを検索したところ、ヒト推定膜蛋白質54TMp（GenBankアクセシオン番号AF00487

6)と類似性を有していた。表3に、本発明のヒト蛋白質(HP)とヒト推定膜蛋白質54TMp(TM)のアミノ酸配列の比較を示す。－はギャップを、\*は本発明の蛋白質と同一アミノ酸残基を、. は本発明の蛋白質と類似アミノ酸残基をそれぞれ表す。全領域において、56.5%の相同性を有していた。

【 0 0 3 3 】

表 3

HS MADPHQLFDDTSSAQSRGYGAQRAPGGLSYPAASPT-PHAAF

.\*\*.\*\*\*\*\*\*      \* \*\*.\* \*\*\*      . . .\* . . .

TM MAYHSGYGAHGSKHRARAAPDPPLFDDT----SGGYSSQ--PGGYPATGADVAFSVNHL

HS LADPVSNMAMAYGSSLAAQGKELVDKNIDRFIPITKLKYYFAVD TMYVGRKLGLLFFPYL

\*. \*\* . \* . \*\*\*\*\* . \* . . \*\* . \* . \* . . \*\* . . . \*\*\*\*\* . \*\*\*\*\* \*\* . \*\*\*\*\* \*\*

TM LGDPMANVAMAYGSSIASHGKDMVHKELHRFVSVSKLKYYFAVDTAYVAKKLGLLVFPYT

HS HQDWEVQYQQDTPVAPRFDVNAPDLYIPAMAFITYVLVAGLALGTQDRFSPDLLGLOASS

\*\*\*.\*\*\*\*\* .\*.\*.\*\* \*.\*\*\*\*\*.\*\*\*\*\*.\*\*\*.\*\*\*.\*.\*\*\*\*\*.\*\*\* \*\*

TM HQNWEVQYSRDAPLPPRQDLNAPDLYIPTKAFITYVLLAGMALGIQKRFSPEVLGLCAST

HS ALAWLTLEVLAILLSLYLVTVNTDLTTIDLVAFLGYKYVGMIGGVLMGLLFGKIGYYLVL

\*\*\*.\*. . . \*\*\*\*. \*\*. \*\*\*\*. \*\*. . \*\*. \*. . \*. \*. \*\*\*\*\*. \*\* \*\*\*\*\*. \*\*\*. . \*

TM ALVWVMEVLALLGLYLATVRSDLSTFHLLAYSGYKYVGMILSVLTGLLFGSDGYYYVAL

HS GWCCVAIFVFMIRTLRLKILADAAAEGVPVRGARNQLRMYLTMVAAAQPM LMYWLT FHL

```
. * . *. *.*.* * .. * ** .*.*.***...** ** .....*****
```

TM AWTSSALMYFIVRSLRТААL-GPDSMGGPV--PRQRLQLYLTLGAAAFQPLIIYWLT FHL

HS VR

\*\*

TM VR

## 【0034】

また、本cDNAの塩基配列を用いてGenBankを検索したところ、ESTの中に、90%以上の相同性を有するもの（例えば、アクセシオン番号H86659）が登録されていたが、部分配列なので本発明の蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

## 【0035】

<HP03236>（配列番号3、13、23）

ヒトフィブロサルコーマ細胞株HT-1080 cDNAライブラリーから得られたクローンHP03236のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、252bpの5' 非翻訳領域、1467bpのORF、620bpの3' 非翻訳領域からなる構造を有していた。ORFは488アミノ酸残基からなる蛋白質をコードしており、7個の推定膜貫通ドメインが存在した。図3にKyte-Doolittleの方法で求めた本蛋白質の疎水性/親水性プロフィールを示す。インビトロ翻訳の結果、高分子量の翻訳産物が生成した。

## 【0036】

本蛋白質のアミノ酸配列を用いてプロテインデータベースを検索したところ、線虫仮想蛋白質ZC513.5（GenBankアクセシオン番号U53155）と類似性を有していた。表4に、本発明のヒト蛋白質（HP）と線虫仮想蛋白質ZC513.5（CE）のアミノ酸配列の比較を示す。－はギャップを、\*は本発明の蛋白質と同一アミノ酸残基を、. は本発明の蛋白質と類似アミノ酸残基をそれぞれ表す。中間部365アミノ酸残基の領域において、39.5%の相同性を有していた。

## 【0037】

表4

HS MAGKGSSGRRPLLLGLLVAVATVHLVICPYTKVEESFNLQATHDLLYHWQDLEQYDHLEF

.\*\*\*.\*

CE

MKMKYDHSQF

HS PGVVPRTFLGPVVIAVFSSPAVYVLSLLEMSKFYSQLIVRGVLGLGVIFGLWTLQKEVRR

\*\*\*\*\*.\*\*. \*.\*\*\* ..... \*\*.. \*..\*..\*\*\* ... ..\*\*

CE PGVVPRTFIGPISLAILSSPMSFIFRFAIPKMWQLLLIRATLGLMNAMAFLYFARSVNR

HS HFGAMVATMFCWVTAMQFHLMFYCTRTPNLVLPVLLALAAWLRHEWARFIWLSAFAI

.\*\* .\* . . \*\*\* .\* \*.\*\*\*.\*\* \*...... \* ... ..

CE KFGRETAMYLRLIMCTQFHYIFYMSRPLPNTFALILVMIVFERLLEGRYESAVRYATASV

HS IVFRVELCLFLGLLLL--LALGNRKV-SVVRALRHAVPAGILCLGLTVAVDSYFWRQLTW

\*,\*\* \*\* \*. \* ..\* . \*. \*\* . \*. \*. . \*\*.....\*\*\*\*\* . \*

CE ILFRCELVLLYGPIFLGYMISGRCLKVFGFDGAIAIGVRIAAMCLAVSIPIDSYFWGRPLW

HS PEGKVLWYNTVLNKSSNWGTSPLLWYFYSALPRGLGCSLLFIPLG-LVDRRTHAPTVAL

\*\*\*.\*...\*. \*.\* ..\*\* \*.\*\*\*\*\* \* . \*..\*\*\* \*\*\*\*\* .. ..

CE PEGEVMFFNVVENRSHEYGTQPFLWYFYSALPRCLLTTLLVPLGLLVDRRLPQIVLPSV

HS GFMALYSLLPHKELRFIIYAFPMNLITAARGCSYLLNNYKKSPLYKAGSLLVIGHLVNA

\*, \*\*\*,\*\*\*\*\*.\*.. ..\*\* \*. \* \* \*.\*\*.. . \*\* \*\*..\*

CE IFIFLYSFLPHKELRFIIYVLPFCLSAAVFCARMLINRHKSFFRMILFFGVILHLLANV

HS AYSATALYVSHFNYPGGVAMQ--RLHQLVPPQTDVLLHIDVAAAQTGVSRLQVNSAWRY

... \* \*. \*\*\*\* \*.. .... ... \* ..\*\* \* \*\*\*\*\*.\*\*\*..\*.\*

CE LCTGMFLLVASKNYPGFDALNYLQFQNRFDAKKPVTYIDNACAQTGVNRFHINDAWT

【0038】

また、本cDNAの塩基配列を用いてGenBankを検索したところ、ESTの中に、90%以上の相同性を有するもの（例えば、アクセシオン番号AA744858）が登録されていたが、部分配列なので本発明の蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

【0039】

<HP03237>（配列番号4、14、24）

ヒトフィブロサルコーマ細胞株HT-1080cDNAライブラリーから得られたクローンHP03237のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、101bpの5' 非翻訳領域、549bpのORF、1106bpの3' 非翻訳領域からなる構造を有していた。ORFは182アミノ酸残基からなる蛋白質をコードしており、4箇所の推定膜貫通ドメインが存在した。図4にKyte-Doolittleの方法で求めた本蛋白質の疎水性／親水性プロフィールを示す。

【0040】

本蛋白質のアミノ酸配列を用いてプロテインデータベースを検索したところ、ヒト腸膜A4蛋白質（SWISS-PROTアクセシオン番号Q04941）と類似性を有していた。表5に、本発明のヒト蛋白質（HP）とヒト腸膜A4蛋白質（IM）のアミノ酸配列の比較を示す。－はギャップを、＊は本発明の蛋白質と同一アミノ酸残基を、．は本発明の蛋白質と類似アミノ酸残基をそれぞれ表す。中間部111アミノ酸残基の領域において、32.4%の相同性を有していた。

【0041】

表5

HS MWPPDPDPDPDEPAGGSRPGPAVPGRLALLPARAFLCSLKGRLLLAESGLSFITFICYV

\*\* \*\*.\* \*\* \*.....\*\*.

IM

MADSERLSAPGCWAACTNFSRTRKGILLFAEII LCLVILICF-

HS ASSASAFLTAPLLEFLLALYFLFADAMQLNDKWQGLCWPMMDFLRCVTAALIYFAISITA

...\*.... . . . . \*...\*\* \*. . . \*...\* . . \*\* \*\*.\* ...\*...\* .\*\*..

IM SASTPGYSSLVVIEMILAAIFFVVYMC DLHTKIPFINWPWSDFRTLIAAILYLITSIVV

HS IAKYSDGASKAAGVFGFFATIVFATDFYLI FNDVAKFLKQGDSADETTAHKTEEENS DSD

... . . . . \*...\*...\*\* \*. \* \*...\*

IM LVERGNHSKIVAGVLGLIATCLFGYDAYVTFPVRQPRHTAAPTDPADGPV

-----  
【0042】

また、本 cDNA の塩基配列を用いて GenBank を検索したところ、EST の中に、90% 以上の相同性を有するもの（例えば、アクセシオン番号 R14227）が登録されていたが、部分配列なので本発明の蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

【0043】

<HP03267>（配列番号 5、15、25）

ヒト肝臓 cDNA ライブラリーから得られたクローン HP03267 の cDNA インサートの全塩基配列を決定したところ、148bp の 5' 非翻訳領域、555bp の ORF、715bp の 3' 非翻訳領域からなる構造を有していた。ORF は 184 アミノ酸残基からなる蛋白質をコードしており、2 箇所の推定膜貫通ドメインが存在した。図 5 に Kyte-Doolittle の方法で求めた本蛋白質の疎水性／親水性プロフィールを示す。インビトロ翻訳の結果、ORF から予想される分子量 20,733 とほぼ同じ 21kDa の翻訳産物が生成した。

【0044】

本蛋白質のアミノ酸配列を用いてプロテインデータベースを検索したところ、ヒトポリポーシスローカス蛋白質 1（SWISS-PROT アクセシオン番号 Q



00765)と類似性を有していた。表6に、本発明のヒト蛋白質(HP)とヒトポリポーシスローカス蛋白質1(PL)のアミノ酸配列の比較を示す。-はギャップを、\*は本発明の蛋白質と同一アミノ酸残基を、.は本発明の蛋白質と類似アミノ酸残基をそれぞれ表す。全領域において、59.1%の相同性を有していた。

## 【0045】

表6

```

-----
HS MDGLRQRVEHFLEQRNLVTEVLGALEAKTGVEKRYLAAGAVTLLSLYLLFGYGASLLCNL
    .*. * ..**...* .*. *. *****.....* *...*.***.*****
PL  MRERFDRFLHEKNCMTDLLAKLEAKTGVNRSFIALGVIGLVALYLVFGYGASLLCNL

HS IGFBVPAYASIKAIESPDKDDTVWLTWVYALFGLAEFFSDLLSWFFPYVVGKCAFL
    *** **** *****.*.*** *****..*..*****.*****. **. **
PL IGFGYPAYISIKAIESPDKEDDTQWLTWVYGVFSIAEFFSDIFLSWFFPYVYMLKCGFL

HS LFCMAPRPWNGALMLYQVRVPLFLRHHGAVDRIMNDLSGRALDAAAGITRNVKPSQTPQ
    *.****.* *** .**.*..**.*.*....*....**.... ..*..**....*
PL LWCMAPSPSNGAELLYKRIIRPFLLKHESQMDSVVKDLKDKSKETADAITKEAKKATVNL

HS PKDK

PL LGEEKKST
-----

```

## 【0046】

また、本cDNAの塩基配列を用いてGenBankを検索したところ、ESTの中に、90%以上の相同性を有するもの(例えば、アクセシオン番号R09

702) が登録されていたが、部分配列なので本発明の蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

【0047】

<HP03270> (配列番号6、16、26)

ヒトリンホーマ細胞株U937 cDNAライブラリーから得られたクローンHP03270のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、132bpの5' 非翻訳領域、423bpのORF、656bpの3' 非翻訳領域からなる構造を有していた。ORFは140アミノ酸残基からなる蛋白質をコードしており、4個の推定膜貫通ドメインが存在した。図6にKyte-Doolittleの方法で求めた本蛋白質の疎水性/親水性プロファイルを示す。インビトロ翻訳の結果、ORFから予想される分子量15,864よりやや大きい17kDaの翻訳産物が生成した。

【0048】

本蛋白質のアミノ酸配列を用いてプロテインデータベースを検索したところ、分裂酵母仮想蛋白質 (EMBLアクセション番号AL031854) と類似性を有していた。表7に、本発明のヒト蛋白質 (HP) と分裂酵母仮想蛋白質 (SP) のアミノ酸配列の比較を示す。-はギャップを、\*は本発明の蛋白質と同一アミノ酸残基を、. は本発明の蛋白質と類似アミノ酸残基をそれぞれ表す。全領域において、43.4%の相同性を有していた。

【0049】

表7

HS	MSRFLNVLRSWLVMSIIAMGNTLQSFRDHTFLYEKLYTGKPNLVNGLQARTFGI
	... * *.** . *.**.* ** ... * ...* ...* *****.*****
SP	MSQILAMLPSLVAKWNVVVSVAALFNTVQSFLTPK-LTKRVY-SNTNEVNGLQGRTFGI
HS	WTLSSVIRCLCAIDIHNKTLYHITLWTFLLALGHFLSELFVYGTAAPTIGVLAPLMVAS
	*****...* ** .* * ..* . *.** ***** ... *... *.**.*..*

SP WTLLSAIVRFYCAYHITNPDVYFLCQCTYYLACFHLSEWLLFRTTNLGPGLLSPIVVST

HS FSILGMLVGLRYLEVEPVSRQKKRN

\*\*

SP VSIWFMAKEKASILGIAA

【0050】

また、本cDNAの塩基配列を用いてGenBankを検索したところ、ESTの中に、90%以上の相同性を有するもの（例えば、アクセシオン番号T30721）が登録されていたが、部分配列なので本発明の蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

【0051】

<HP03298>（配列番号7、17、27）

ヒトリンホーマ細胞株U937cDNAライブラリーから得られたクローンHP03298のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、182bpの5'非翻訳領域、462bpのORF、455bpの3'非翻訳領域からなる構造を有していた。ORFは153アミノ酸残基からなる蛋白質をコードしており、少なくとも1箇所の推定膜貫通ドメインが存在した。図7にKyte-Doolittleの方法で求めた本蛋白質の疎水性／親水性プロフィールを示す。インビトロ翻訳の結果、ORFから予想される分子量17,360とほぼ同じ17.5kDaの翻訳産物が生成した。

【0052】

本蛋白質のアミノ酸配列を用いてプロテインデータベースを検索したところ、分裂酵母仮想蛋白質SPBC119.09c（EMBLアクセシオン番号AL022117）と類似性を有していた。表8に、本発明のヒト蛋白質（HP）と分裂酵母仮想蛋白質SPBC119.09c（SP）のアミノ酸配列の比較を示す。-はギャップを、\*は本発明の蛋白質と同一アミノ酸残基を、.は本発明の蛋白質と類似アミノ酸残基をそれぞれ表す。N末端側を除く全領域にわたって、4

1. 9%の相同性を有していた。

【0053】

表 8

HS MNVGVAHSEVNPNTVRVMNSRGMWLTALGVGLLHIVLL

. \* . \* \* . . . . \* . . . .

SP MGSSSSRRSSSLVTKVPKPTIDDRLDQGSATNYSNWNVNYKGAWVIHIVLIAALRLIFH

HS SIPFFSVPVAWTLTNIHNLGMVFLHAVKGTPFETPDQGKARLLTHWEQLDYGVQFTSS

. \* \* \* . \* . . . . \* . \* . . . \* . \* . . . \* . \* . . . \* . \* . . .

SP AIPSVSRELAWTLTNLTVMAGSFIMFHWVTGTPFEFNGGAYDR-LTMWEQLDEGNQYTPA

HS RKFFTISPIILYFLASFYTKYDPHTFILNTASLLSVLIPKMPQLHGVRIFGINKY

\* . . . . \* . . . . \* . . . . \* . . . . \* . . . . \* . . . . \* . . . .

SP RKYLLVLPILFLMSTHYTHYNGWMFLVNIWALFMVLIPKLPVHRKRIFGIQKLSLRDD

【0054】

また、本 cDNA の塩基配列を用いて GenBank を検索したところ、EST の中に、90%以上の相同性を有するもの（例えば、アクセション番号 AA043039）が登録されていたが、部分配列なので本発明の蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

【0055】

<HP10631>（配列番号 8、18、28）

ヒトレチノブラストーマ細胞株 WERI-RB cDNA ライブラリーから得られたクローン HP10631 の cDNA インサートの全塩基配列を決定したところ、226bp の 5' 非翻訳領域、522bp の ORF、2741bp の 3' 非翻訳領域からなる構造を有していた。ORF は 173 アミノ酸残基からなる蛋白

質をコードしており、1箇所の推定膜貫通ドメインが存在した。図8にKyte-Doolittleの方法で求めた本蛋白質の疎水性／親水性プロフィールを示す。

## 【0056】

また、本cDNAの塩基配列を用いてGenBankを検索したところ、ESTの中に、90%以上の相同性を有するもの（例えば、アクセシオン番号W26443）が登録されていたが、部分配列なので本発明の蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

## 【0057】

<HP10658>（配列番号9、19、29）

ヒトフィブロサルコマ細胞株HT-1080 cDNAライブラリーから得られたクローンHP10658のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、24bpの5' 非翻訳領域、228bpのORF、679bpの3' 非翻訳領域からなる構造を有していた。ORFは75アミノ酸残基からなる蛋白質をコードしており、2箇所の推定膜貫通ドメインが存在した。図9にKyte-Doolittleの方法で求めた本蛋白質の疎水性／親水性プロフィールを示す。インビトロ翻訳の結果、ORFから予想される分子量8,625とほぼ同じ14kDa以下の翻訳産物が生成した。

## 【0058】

また、本cDNAの塩基配列を用いてGenBankを検索したところ、ESTの中に、90%以上の相同性を有するもの（例えば、アクセシオン番号T85006）が登録されていたが、部分配列なので本発明の蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

## 【0059】

<HP10663>（配列番号10、20、30）

ヒトリンホーマ細胞株U937 cDNAライブラリーから得られたクローンHP10663のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、67bpの5' 非翻訳領域、480bpのORF、576bpの3' 非翻訳領域からなる構造を有していた。ORFは159アミノ酸残基からなる蛋白質をコードしており

、2箇所の推定膜貫通ドメインが存在した。図10にKyte-Doolittleの方法で求めた本蛋白質の疎水性／親水性プロフィールを示す。

【0060】

また、本cDNAの塩基配列を用いてGenBankを検索したところ、ESTの中に、90%以上の相同性を有するもの（例えば、アクセション番号AA336522）が登録されていたが、部分配列なので本発明の蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

【0061】

【0062】

【発明の効果】

本発明は疎水性ドメインを有するヒト蛋白質、それをコードしているDNA、このDNAの発現ベクター、およびこのDNAを発現させた真核細胞を提供する。本発明の蛋白質は、いずれも分泌されるかあるいは細胞膜に存在するので、細胞の増殖や分化を制御している蛋白質と考えられる。したがって、本発明の蛋白質は、細胞の増殖や分化の制御に関わる制癌剤などの医薬品として、あるいはこの蛋白質に対する抗体を作製するための抗原として用いることができる。本発明のDNAは、遺伝子診断用プローブや遺伝子治療用遺伝子源として用いることができる。また、このDNAを用いることにより、この蛋白質を大量に発現することができる。これら遺伝子を導入してこの蛋白質を発現させた細胞は、対応するレセプターやリガンドの検出、新しい低分子医薬のスクリーニングなどに利用できる。

【0063】

【配列表】

<110> Sagami Chemical Research Center,

Protegene Inc.

<120> Human proteins having hydrophobic domains and DNAs encoding these proteins

<130> S018197

<160> 30

【0064】

<210> 1

<211> 303

<212> PRT

<213> Homo sapience

<400> 1

Met Glu Ala Glu Gln Arg Pro Ala Ala Gly Ala Ser Glu Gly Ala Thr

1

5

10

15

Pro Gly Leu Glu Ala Val Pro Pro Val Ala Pro Pro Pro Ala Thr Ala

20

25

30

Ala Ser Gly Pro Ile Pro Lys Ser Gly Pro Glu Pro Lys Arg Arg His

35

40

45

Leu Gly Thr Leu Leu Gln Pro Thr Val Asn Lys Phe Ser Leu Arg Val

50

55

60

Phe Gly Ser His Lys Ala Val Glu Ile Glu Gln Glu Arg Val Lys Ser

65

70

75

80

Ala Gly Ala Trp Ile Ile His Pro Tyr Ser Asp Phe Arg Phe Tyr Trp

85

90

95

Asp Leu Ile Met Leu Leu Leu Met Val Gly Asn Leu Ile Val Leu Pro

100

105

110

Val Gly Ile Thr Phe Phe Lys Glu Glu Asn Ser Pro Pro Trp Ile Val

115

120

125

Phe Asn Val Leu Ser Asp Thr Phe Phe Leu Leu Asp Leu Val Leu Asn

130

135

140

Phe Arg Thr Gly Ile Val Val Glu Glu Gly Ala Glu Ile Leu Leu Ala

145

150

155

160

Pro Arg Ala Ile Arg Thr Arg Tyr Leu Arg Thr Trp Phe Leu Val Asp

165

170

175

Leu Ile Ser Ser Ile Pro Val Asp Tyr Ile Phe Leu Val Val Glu Leu

180

185

190

Glu Pro Arg Leu Asp Ala Glu Val Tyr Lys Thr Ala Arg Ala Leu Arg

195

200

205



Ile Val Arg Phe Thr Lys Ile Leu Ser Leu Leu Arg Leu Leu Arg Leu

210

215

220

Ser Arg Leu Ile Arg Tyr Ile His Gln Trp Glu Glu Ile Phe His Met

225

230

235

240

Thr Tyr Asp Leu Ala Ser Ala Val Val Arg Ile Phe Asn Leu Ile Gly

245

250

255

Met Met Leu Leu Leu Cys His Trp Asp Gly Cys Leu Gln Phe Leu Val

260

265

270

Pro Met Leu Gln Asp Phe Pro Pro Asp Cys Trp Val Ser Ile Asn His

275

280

285

Met Val Val Arg Ser Pro His Ser Ser Ala Phe Pro Gly Pro Ser

290

295

300

【0 0 6 5】

<210> 2

<211> 283

<212> PRT

<213> Homo sapience

<400> 2

Met Ala Asp Pro His Gln Leu Phe Asp Asp Thr Ser Ser Ala Gln Ser

1

5

10

15

Arg Gly Tyr Gly Ala Gln Arg Ala Pro Gly Gly Leu Ser Tyr Pro Ala

20

25

30

Ala Ser Pro Thr Pro His Ala Ala Phe Leu Ala Asp Pro Val Ser Asn

35

40

45

Met Ala Met Ala Tyr Gly Ser Ser Leu Ala Ala Gln Gly Lys Glu Leu

50

55

60

Val Asp Lys Asn Ile Asp Arg Phe Ile Pro Ile Thr Lys Leu Lys Tyr

65

70

75

80

Tyr Phe Ala Val Asp Thr Met Tyr Val Gly Arg Lys Leu Gly Leu Leu

85

90

95

Phe Phe Pro Tyr Leu His Gln Asp Trp Glu Val Gln Tyr Gln Gln Asp

100

105

110

Thr Pro Val Ala Pro Arg Phe Asp Val Asn Ala Pro Asp Leu Tyr Ile

115

120

125

Pro Ala Met Ala Phe Ile Thr Tyr Val Leu Val Ala Gly Leu Ala Leu

130

135

140

Gly Thr Gln Asp Arg Phe Ser Pro Asp Leu Leu Gly Leu Gln Ala Ser

145

150

155

160

Ser Ala Leu Ala Trp Leu Thr Leu Glu Val Leu Ala Ile Leu Leu Ser

165

170

175

Leu Tyr Leu Val Thr Val Asn Thr Asp Leu Thr Thr Ile Asp Leu Val

180

185

190

Ala Phe Leu Gly Tyr Lys Tyr Val Gly Met Ile Gly Gly Val Leu Met

195

200

205

Gly Leu Leu Phe Gly Lys Ile Gly Tyr Tyr Leu Val Leu Gly Trp Cys

210

215

220

Cys Val Ala Ile Phe Val Phe Met Ile Arg Thr Leu Arg Leu Lys Ile

225

230

235

240

Leu Ala Asp Ala Ala Ala Glu Gly Val Pro Val Arg Gly Ala Arg Asn

245

250

255

Gln Leu Arg Met Tyr Leu Thr Met Ala Val Ala Ala Ala Gln Pro Met

260

265

270

Leu Met Tyr Trp Leu Thr Phe His Leu Val Arg

275

280

【0 0 6 6】

<210> 3

<211> 488

<212> PRT

<213> Homo sapience

<400> 3

Met Ala Gly Lys Gly Ser Ser Gly Arg Arg Pro Leu Leu Leu Gly Leu

1

5

10

15

Leu Val Ala Val Ala Thr Val His Leu Val Ile Cys Pro Tyr Thr Lys

20

25

30

Val Glu Glu Ser Phe Asn Leu Gln Ala Thr His Asp Leu Leu Tyr His

35

40

45

Trp Gln Asp Leu Glu Gln Tyr Asp His Leu Glu Phe Pro Gly Val Val

50

55

60

Pro Arg Thr Phe Leu Gly Pro Val Val Ile Ala Val Phe Ser Ser Pro

65

70

75

80

Ala Val Tyr Val Leu Ser Leu Leu Glu Met Ser Lys Phe Tyr Ser Gln

85

90

95

Leu Ile Val Arg Gly Val Leu Gly Leu Gly Val Ile Phe Gly Leu Trp

100

105

110

Thr Leu Gln Lys Glu Val Arg Arg His Phe Gly Ala Met Val Ala Thr

115

120

125

Met Phe Cys Trp Val Thr Ala Met Gln Phe His Leu Met Phe Tyr Cys

130

135

140

Thr Arg Thr Leu Pro Asn Val Leu Ala Leu Pro Val Val Leu Leu Ala

145                      150                      155                      160

Leu Ala Ala Trp Leu Arg His Glu Trp Ala Arg Phe Ile Trp Leu Ser

165                      170                      175

Ala Phe Ala Ile Ile Val Phe Arg Val Glu Leu Cys Leu Phe Leu Gly

180                      185                      190

Leu Leu Leu Leu Leu Ala Leu Gly Asn Arg Lys Val Ser Val Val Arg

195                      200                      205

Ala Leu Arg His Ala Val Pro Ala Gly Ile Leu Cys Leu Gly Leu Thr

210                      215                      220

Val Ala Val Asp Ser Tyr Phe Trp Arg Gln Leu Thr Trp Pro Glu Gly

225                      230                      235                      240

Lys Val Leu Trp Tyr Asn Thr Val Leu Asn Lys Ser Ser Asn Trp Gly

245                      250                      255

Thr Ser Pro Leu Leu Trp Tyr Phe Tyr Ser Ala Leu Pro Arg Gly Leu

260

265

270

Gly Cys Ser Leu Leu Phe Ile Pro Leu Gly Leu Val Asp Arg Arg Thr

275

280

285

His Ala Pro Thr Val Leu Ala Leu Gly Phe Met Ala Leu Tyr Ser Leu

290

295

300

Leu Pro His Lys Glu Leu Arg Phe Ile Ile Tyr Ala Phe Pro Met Leu

305

310

315

320

Asn Ile Thr Ala Ala Arg Gly Cys Ser Tyr Leu Leu Asn Asn Tyr Lys

325

330

335

Lys Ser Trp Leu Tyr Lys Ala Gly Ser Leu Leu Val Ile Gly His Leu

340

345

350

Val Val Asn Ala Ala Tyr Ser Ala Thr Ala Leu Tyr Val Ser His Phe

355

360

365

Asn Tyr Pro Gly Gly Val Ala Met Gln Arg Leu His Gln Leu Val Pro

370

375

380

Pro Gln Thr Asp Val Leu Leu His Ile Asp Val Ala Ala Ala Gln Thr

385

390

395

400

Gly Val Ser Arg Phe Leu Gln Val Asn Ser Ala Trp Arg Tyr Asp Lys

405

410

415

Arg Glu Asp Val Gln Pro Gly Thr Gly Met Leu Ala Tyr Thr His Ile

420

425

430

Leu Met Glu Ala Ala Pro Gly Leu Leu Ala Leu Tyr Arg Asp Thr His

435

440

445

Arg Val Leu Ala Ser Val Val Gly Thr Thr Gly Val Ser Leu Asn Leu

450

455

460

Thr Gln Leu Pro Pro Phe Asn Val His Leu Gln Thr Lys Leu Val Leu

465

470

475

480

Leu Glu Arg Leu Pro Arg Pro Ser

485



【 0 0 6 7 】

<210> 4

<211> 182

<212> PRT

<213> Homo sapience

<400> 4

Met Trp Pro Pro Asp Pro Asp Pro Asp Pro Asp Pro Glu Pro Ala Gly

1 5 10 15

Gly Ser Arg Pro Gly Pro Ala Val Pro Gly Leu Arg Ala Leu Leu Pro

20 25 30

Ala Arg Ala Phe Leu Cys Ser Leu Lys Gly Arg Leu Leu Leu Ala Glu

35 40 45

Ser Gly Leu Ser Phe Ile Thr Phe Ile Cys Tyr Val Ala Ser Ser Ala

50 55 60

Ser Ala Phe Leu Thr Ala Pro Leu Leu Glu Phe Leu Leu Ala Leu Tyr

65 70 75 80

Phe Leu Phe Ala Asp Ala Met Gln Leu Asn Asp Lys Trp Gln Gly Leu

85 90 95

Cys Trp Pro Met Met Asp Phe Leu Arg Cys Val Thr Ala Ala Leu Ile

100

105

110

Tyr Phe Ala Ile Ser Ile Thr Ala Ile Ala Lys Tyr Ser Asp Gly Ala

115

120

125

Ser Lys Ala Ala Gly Val Phe Gly Phe Phe Ala Thr Ile Val Phe Ala

130

135

140

Thr Asp Phe Tyr Leu Ile Phe Asn Asp Val Ala Lys Phe Leu Lys Gln

145

150

155

160

Gly Asp Ser Ala Asp Glu Thr Thr Ala His Lys Thr Glu Glu Glu Asn

165

170

175

Ser Asp Ser Asp Ser Asp

180

【 0 0 6 8 】

<210> 5

<211> 184

<212> PRT

<213> Homo sapience

<400> 5

Met Asp Gly Leu Arg Gln Arg Val Glu His Phe Leu Glu Gln Arg Asn

1 5 10 15

Leu Val Thr Glu Val Leu Gly Ala Leu Glu Ala Lys Thr Gly Val Glu

20 25 30

Lys Arg Tyr Leu Ala Ala Gly Ala Val Thr Leu Leu Ser Leu Tyr Leu

35 40 45

Leu Phe Gly Tyr Gly Ala Ser Leu Leu Cys Asn Leu Ile Gly Phe Val

50 55 60

Tyr Pro Ala Tyr Ala Ser Ile Lys Ala Ile Glu Ser Pro Ser Lys Asp

65 70 75 80

Asp Asp Thr Val Trp Leu Thr Tyr Trp Val Val Tyr Ala Leu Phe Gly

85 90 95

Leu Ala Glu Phe Phe Ser Asp Leu Leu Leu Ser Trp Phe Pro Phe Tyr

100 105 110

Tyr Val Gly Lys Cys Ala Phe Leu Leu Phe Cys Met Ala Pro Arg Pro

115

120

125

Trp Asn Gly Ala Leu Met Leu Tyr Gln Arg Val Val Arg Pro Leu Phe

130

135

140

Leu Arg His His Gly Ala Val Asp Arg Ile Met Asn Asp Leu Ser Gly

145

150

155

160

Arg Ala Leu Asp Ala Ala Ala Gly Ile Thr Arg Asn Val Lys Pro Ser

165

170

175

Gln Thr Pro Gln Pro Lys Asp Lys

180

【 0 0 6 9 】

<210> 6

<211> 140

<212> PRT

<213> Homo sapience

<400> 6

Met Ser Arg Phe Leu Asn Val Leu Arg Ser Trp Leu Val Met Val Ser

1

5

10

15

Ile Ile Ala Met Gly Asn Thr Leu Gln Ser Phe Arg Asp His Thr Phe

20

25

30

Leu Tyr Glu Lys Leu Tyr Thr Gly Lys Pro Asn Leu Val Asn Gly Leu

35

40

45

Gln Ala Arg Thr Phe Gly Ile Trp Thr Leu Leu Ser Ser Val Ile Arg

50

55

60

Cys Leu Cys Ala Ile Asp Ile His Asn Lys Thr Leu Tyr His Ile Thr

65

70

75

80

Leu Trp Thr Phe Leu Leu Ala Leu Gly His Phe Leu Ser Glu Leu Phe

85

90

95

Val Tyr Gly Thr Ala Ala Pro Thr Ile Gly Val Leu Ala Pro Leu Met

100

105

110

Val Ala Ser Phe Ser Ile Leu Gly Met Leu Val Gly Leu Arg Tyr Leu

115

120

125

Glu Val Glu Pro Val Ser Arg Gln Lys Lys Arg Asn

130

135

140

【0070】

<210> 7

<211> 153

<212> PRT

<213> Homo sapience

<400> 7

Met Asn Val Gly Val Ala His Ser Glu Val Asn Pro Asn Thr Arg Val

1

5

10

15

Met Asn Ser Arg Gly Met Trp Leu Thr Tyr Ala Leu Gly Val Gly Leu

20

25

30

Leu His Ile Val Leu Leu Ser Ile Pro Phe Phe Ser Val Pro Val Ala

35

40

45

Trp Thr Leu Thr Asn Ile Ile His Asn Leu Gly Met Tyr Val Phe Leu

50

55

60

His Ala Val Lys Gly Thr Pro Phe Glu Thr Pro Asp Gln Gly Lys Ala

65

70

75

80

Arg Leu Leu Thr His Trp Glu Gln Leu Asp Tyr Gly Val Gln Phe Thr

85

90

95

Ser Ser Arg Lys Phe Phe Thr Ile Ser Pro Ile Ile Leu Tyr Phe Leu

100

105

110

Ala Ser Phe Tyr Thr Lys Tyr Asp Pro Thr His Phe Ile Leu Asn Thr

115

120

125

Ala Ser Leu Leu Ser Val Leu Ile Pro Lys Met Pro Gln Leu His Gly

130

135

140

Val Arg Ile Phe Gly Ile Asn Lys Tyr

145

150

【 0 0 7 1 】

<210> 8

<211> 173

<212> PRT

<213> Homo sapience

<400> 8

Met Ala Ala Phe Leu Ile Gln Thr Lys Asp Asn Pro Met Lys Ala Val

1

5

10

15

Gly Val Leu Ala Gly Thr Met Ala Thr Val Val Ala Ile Thr Val Leu

20

25

30

Ile Ser Thr Ala Thr Phe Trp Arg Asn Lys Lys Ser Asn Lys Val Leu

35

40

45

Pro Met Arg Arg Val Leu Arg Lys Arg Pro Ser Pro Ala Pro Arg Thr

50

55

60

Ile Arg Ile Glu Trp Leu Lys Ser Lys Ser Thr Lys Ala Ala Thr Lys

65

70

75

80

Phe Met Leu Lys Glu Lys Pro Pro Asn Glu Asn Cys Asn Asn Asn Ser

85

90

95

Pro Glu Ser Ser Leu Leu Pro Arg Ala Pro Ala Leu Pro Pro Pro Pro

100

105

110

Ser Val Ala Pro Ser Thr Gly Ala Ala Gln Trp Thr Val Pro Thr Val



115

120

125

Ser Gly Ser Leu Thr Pro Gln Pro Thr Gln Pro Pro Pro Lys Pro Lys

130

135

140

Thr Met Gly Ser Pro Val Gln Ser Thr Leu Ile Ser Glu Leu Lys Gln

145

150

155

160

Lys Phe Glu Lys Lys Ser Val His Asn Lys Ala Tyr Phe

165

170

【0 0 7 2】

<210> 9

<211> 75

<212> PRT

<213> Homo sapience

<400> 9

Met Ile Gly Asp Ile Leu Leu Phe Gly Thr Leu Leu Met Asn Ala Gly

1

5

10

15

Ala Val Leu Asn Phe Lys Leu Lys Lys Lys Asp Thr Gln Gly Phe Gly

20

25

30

Glu Glu Ser Arg Glu Pro Ser Thr Gly Asp Asn Ile Arg Glu Phe Leu

35

40

45

Leu Ser Leu Arg Tyr Phe Arg Ile Phe Ile Ala Leu Trp Asn Ile Phe

50

55

60

Met Met Phe Cys Met Ile Val Leu Phe Gly Ser

65

70

75

【0073】

<210> 10

<211> 159

<212> PRT

<213> Homo sapience

<400> 10

Met Glu Leu Pro Ala Val Asn Leu Lys Val Ile Leu Leu Gly His Trp

1

5

10

15

Leu Leu Thr Thr Trp Gly Cys Ile Val Phe Ser Gly Ser Tyr Ala Trp

20

25

30

Ala Asn Phe Thr Ile Leu Ala Leu Gly Val Trp Ala Val Ala Gln Arg

35

40

45

Asp Ser Ile Asp Ala Ile Ser Met Phe Leu Gly Gly Leu Leu Ala Thr

50

55

60

Ile Phe Leu Asp Ile Val His Ile Ser Ile Phe Tyr Pro Arg Val Ser

65

70

75

80

Leu Thr Asp Thr Gly Arg Phe Gly Val Gly Met Ala Ile Leu Ser Leu

85

90

95

Leu Leu Lys Pro Leu Ser Cys Cys Phe Val Tyr His Met Tyr Arg Glu

100

105

110

Arg Gly Gly Glu Leu Leu Val His Thr Gly Phe Leu Gly Ser Ser Gln

115

120

125

Asp Arg Ser Ala Tyr Gln Thr Ile Asp Ser Ala Glu Ala Pro Ala Asp

130

135

140

Pro Phe Ala Val Pro Glu Gly Arg Ser Gln Asp Ala Arg Gly Tyr

145

150

155

【 0 0 7 4 】

<210> 11

<211> 909

<212> DNA

<213> Homo sapience

<400> 11

atggaggcag agcagcggcc ggCggCgggg gccagcgaag gggcgacccc tggactggag	60
gcggtgcctc ccgttgcctc cccgcctgcg accgcggcct caggctccgat ccccaaactc	120
gggcctgagc ctaagaggag gcaccttggg acgtcgtcctc agcctacggt caacaagttc	180
tcccttcggg tggtcggcag ccacaaagca gtggaaatcg agcaggagcg ggtgaagtca	240
gcgggggcct ggatcatcca cccctacagc gacttccggt ttacttgga cctgatcatg	300
ctgctgctga tggtagggaa cctcatcgtc ctgcctgtgg gcatcacctt ctcaaggag	360
gagaactccc cgccttggat cgtcttcaac gtattgtctg atactttctt cctactggat	420
ctggtgctca acttccgaac gggcatcgtg gtggaggagg gtgctgagat cctgctggca	480
ccgcgggccca tccgcacgcg ctacctgcgc acctggttcc tggttgacct catctcttct	540
atccctgtgg attacatctt cctagtgggtg gagctggagc cacggttgga cgctgaggtc	600
tacaaaacgg cacgggccct acgcatcgtt cgcttcacca agatcctaag cctgctgagg	660

ctgctccgcc tctcccgct catccgctac atacaccagt gggaggagat ctttcacatg	720
acctatgacc tggccagtg tgtggttcgc atcttcaacc tcattgggat gatgctgctg	780
ctatgtcact gggatggctg tctgcagttc ctggtgccca tgcigcagga cttccctccc	840
gactgctggg tctccatcaa ccacatgggtg gtgagaagtc cccacagctc tgcctttcct	900
gggccttct	909

[0 0 7 5]

<210> 12

<211> 849

<212> DNA

<213> Homo sapience

<400> 12

atggccgacc cccaccagct tttcgatgac acaagttcag cccagagccg gggctatggg	60
gcccagcggg cacctgggtg cctgagttat cctgcagcct ctcccacgcc ccatgcagcc	120
ttcctggctg acccggtgtc caacatggcc atggcctatg ggagcagcct ggccgcgcag	180
ggcaaggagc tgggtggataa gaacatcgac cgcttcatcc ccatcaccaa gctcaagtat	240
tactttgctg tggacaccat gtatgtgggc agaaagctgg gcctgctgtt cttcccctac	300
ctacaccagg actgggaagt gcagtaccaa caggacaccc cggtggcccc ccgctttgac	360

gtcaatgccc cggacctcta cattccagca atggctttca tcacctacgt tttggtggct 420

ggctcttgcgc tggggaccca ggatagggtc tccccagacc tcctggggct gcaagcgagc 480

tcagccctgg cctggctgac cctggagggtg ctggccatcc tgctcagcct ctatctggtc 540

actgtcaaca ccgacctcac caccatcgac ctggtggcct tcttgggcta caaatatgtc 600

gggatgattg gcggggctct catgggcctg ctcttcggga agattggcta ctacctggtg 660

ctgggctggt gctgcgtagc catctttgtg ttcatgatcc ggacgctgcg gctgaagatc 720

tiggcagacg cagcagctga gggggctccg gtgcgtgggg cccggaacca gctgcgcatg 780

tacctgacca tggcggtggc ggcggcgcag cctatgctca tgtactggct caccttcac 840

ctggtgcgg 849

[ 0 0 7 6 ]

<210> 13

<211> 1464

<212> DNA

<213> Homo sapience

<400> 13

atggctggaa aggggtcatt aggcaggcgg cccctgctgc tggggctgct ggtggccgta 60

gccactgtcc acctggtcat ctgtccctac accaaagtgg aggagagctt caacctgcag 120

gccacacatg acctgctcta ccactggcaa gacctggagc agtacgacca tcttgagttc	180
cccgagtcg tccccaggac gttcctcggg ccagtggiga tcgcagtgtt ctccagcccc	240
gcggtttacg tgctttcgct gttagaaatg tccaagtttt actctcagct aatagttaga	300
ggagtgcctg gactcggcgt gatttttggg cctcggacgt tacaaaagga agtgagacgg	360
cacttcgggg ccatgggtggc caccatgttc tgctgggtga cggccatgca gttccacctg	420
atgttctact gcacgcggac actgcccatt gtgctggccc tgcctgtagt cctgctggcc	480
ctcgcggcct ggctgcggca cgagtgggcc cgcttcattt ggctgicagc cttcgccatc	540
atcgtgttca ggggtggagct gtgcctgttc ctgggacctc tgctgctgct ggccttgggc	600
aaccgaaagg tttctgtagt cagagccctt cgccacgccg tcccggcagg gatcctctgt	660
ttaggactga cggttgctgt ggactcttat ttttggcggc agtcacttg gccggaagga	720
aaggtgcttt ggtacaacac tgtcctgaac aaaagctcca actggggggac ctccccgctg	780
ctgtggtact tctactcagc cctgccccgc ggcctgggct gcagcctgct cttcatcccc	840
ctgggcttgg tagacagaag gacgcacgcg ccgacgggtg tggcactggg cttcatggca	900
ctctactccc tctgcccaca caaggagcta cgcttcattc tctatgcctt ccccatgctc	960

aacatcacgg ctgccagagg ctgctcctac ctgctgaata actataaaaa gtcttggctg 1020

tacaaagcag ggtctctgct tgtgatcgga cacctcgtgg tgaatgccgc ctactcagcc 1080

acggccctgt atgtgtccca ttccaactac ccaggtggcg tcgcaatgca gaggtgcac 1140

cagctggtgc cccccagac agacgtcctt ctgcacattg acgtggcagc cgcccagaca 1200

ggtgtgtctc ggtttctcca agtcaacagc gcctggaggt acgacaagag ggaggatgtg 1260

cagccgggga caggcatgct ggcatacaca cacatcctca tggaggcggc ccctgggctc 1320

ctggccctct acagggacac acaccgggtc ctggccagcg tcgtggggac cacaggtgtg 1380

agtctgaacc tgacccaact gcccccttc aacgtccacc tgcagacaaa gctggtgctt 1440

ctggagaggc tccccggcc gtcc 1464

[0 0 7 7]

<210> 14

<211> 546

<212> DNA

<213> Homo sapience

<400> 14

atgtggcccc cagaccccga ccccgacccg gaccccgagc ctgccggcgg ctcccgctcc 60

ggccccgcgg tccccgggct ccgcgccctg ctgccggcgc gggctttcct ctgctctctc 120



aaaggccgcc tctgctggc cgagtcgggt ctctcattca tcacttttat ctgctatgtg 180  
 gcgtcctcag catcgcctt cctcacagcg cctctgctgg agttcctgct ggccttgtac 240  
 ttctcttttg ctgatgccat gcagctgaat gacaagtggc agggcttggt ctggcccatg 300  
 atggacttcc tgcgtgtgt caccgcggcc ctcatctact ttgctatctc catcacggcc 360  
 atcgccaagt actcggatgg ggcttccaaa gccgctgggg tgtttggctt ctttgctacc 420  
 atcgtgtttg caactgattt ctacctgac tttacgacg tggccaaatt cctcaaacaa 480  
 ggggactctg cagatgagac cacagcccac aagacagaag aagagaattc cgactcggac 540  
 tctgac 546

[ 0 0 7 8 ]

<210> 15

<211> 552

<212> DNA

<213> Homo sapience

<400> 15

atggacggcc tgaggcagcg cgtggagcac ttcttgagc aaaggaacct ggtcaccgaa 60  
 gtgctggggg cgctggaggc caagaccggg gtggagaagc ggtatctggc tgcaggagcc 120  
 gtcactctgc taagcctgta tctgctgttc ggctacggag cgtctctgct gtgcaatctc 180

atcggatttg tgtaccccg c atatgcctca atcaaagcta tcgagagccc aagcaaggac	240
gacgacactg tgtggctcac ctactgggtg gtgtacgccc tgtttgggct ggccgagttc	300
ttcagcgatc tactcctgtc ctggttcctt ttctactacg tgggcaagtg cgccttcctg	360
ttgttctgca tggctcccag gccctggaac ggggctctca tgctgtatca gcgcgtcgtg	420
cgiccgtgt tcctaaggca ccacggggcc gtagacagaa tcatgaacga cctcagcggg	480
cgagccctgg acgcggcggc cggaataacc aggaacgtca agccaagcca gaccccgag	540
ccgaaggaca ag	552

【0 0 7 9】

<210> 16

<211> 420

<212> DNA

<213> Homo sapience

<400> 16

atgagccgtt tcctgaatgt gttagaagt tggctggta tgggtccat catagccatg	60
gggaacacgc tgcagagctt ccgagaccac acttttctct atgaaaagct ctacactggc	120
aagccaaacc ttgtgaatgg cctccaagct cggaccittg ggatctggac gctgctctca	180
tcagtgattc gctgcctctg tgccattgac attcacaaca agacgctcta tcacatcaca	240

ctctggacct tcctccttgc cctggggcat ttctctctg agttgtttgt ctatggaact 300  
gcagctccca cgattggcgt cctggcaccc ctgatgggtg caagtttctc catcctgggt 360  
atgctggtcg ggctccgta tctagaagta gaaccagtat ccagacagaa gaagagaaac 420

【0080】

<210> 17

<211> 459

<212> DNA

<213> Homo sapience

<400> 17

atgaacgttg gagttgcca cagtgaagt aatccaaata cccgtgtcat gaacagccgg 60  
ggatatggc tgacatatgc attgggagtt ggcttgcttc atattgtctt actcagcatt 120  
cccttcttca gtgttcctgt tgcttggact ttaacaaata ttatacataa tctggggatg 180  
tacgtatatt tgcatgcagt gaaaggaaca cctttcgaaa ctctgacca gggtaaagca 240  
aggctcctaa ctcatggga acaactggac tatggagtac agtttacatc ttcacggaag 300  
ttttcacaa tttctccaat aattctatat tttctggcaa gtttctatac gaagtatgat 360  
ccaactcact tcatcctaaa cacagcttct ctctgagtg tactaattcc caaaatgcc 420  
caactacatg gtgttcggat ctttggaatt aataagtat 459

【0 0 8 1】

<210> 18

<211> 519

<212> DNA

<213> Homo sapience

<400> 18

atggctgcct tctgataca gaccaaggac aaccccatga aggccgtggg tgtgctggcc 60

ggcaccatgg ccaccgtcgt ggccatcact gtctcactt ccaccgccac cttctggcgc 120

aacaagaagt ctaacaaggt cctgccaatg cggcgggtgc tccgcaagcg gccagccct 180

gcgccccgca ccatccgat tgagtggctc aagtcacaaga gcaccaaagc cgctaccaag 240

ttcatgctca aagagaaacc tccaatgag aactgtaaca acaacagccc agaaagctct 300

ctgctcccga gagctccggc tctccctcca ccaccagcg tggcgcccag cactggcgca 360

gcccagtggg ccgtgcctac tgtctctggc tctctcactc cgcagccgac ccaacccccg 420

ccaaaaccca aaactatggg aagccccgtc cagtcaactc tgatctctga gctcaagcaa 480

aagtttgaga agaagagtgt gcacaacaag gcttacttc 519

【0 0 8 2】

<210> 19

<211> 225

<212> DNA.

<213> Homo sapience

<400> 19

atgatcggag acatcctgct gttcgggacg ttgctgatga atgccggggc ggtgctgaac 60

tttaagctga aaaagaagga cacgcagggc tttggggagg agtccaggga gcccagcaca 120

ggtgacaaca tccgggaatt ctgctgagc ctcagatact ttcgaatctt catcgccctg 180

tggaacatct tcatgatgtt ctgcatgatt gtgctgttcg gctct 225

【 0 0 8 3 】

<210> 20

<211> 477

<212> DNA

<213> Homo sapience

<400> 20

atggagctgc ctgctgtaa cctgaagggtg attctcctag gtcactggct gctgacaacc 60

tggggctgca ttgtattctc aggctcctat gcctgggcca acttcacat cctggccttg 120

ggcgtgtggg ctgtggctca gcgggactcc atcgacgcca taagcatgtt tctgggtggc 180

ttgctggcca ccatcttctt ggacatcgtg cacatcagca tcttctaccc gcgggtcagc 240

ctcacggaca cgggccgctt tggcgtgggc atggccatcc tcagcttgct gctcaagccg 300

ctctcctgct gcttcgtcta ccacatgtac cgggagcgcg ggggtgagct cctggtccac 360

actggtttcc ttgggtcttc tcaggaccgt agtgcctacc agacgattga ctacagcagag 420

gcgcccgcag atccctttgc agtcccagag ggcaggagtc aagatgcccg aggggtac 477

【 0 0 8 4 】

<210> 21

<211> 3438

<212> DNA

<213> Homo sapience

<220>

<221> CDS

<222> (121)...(1032)

<400> 21

gcctacgacg cctccgctag agcccgcggg gctgcgccga ctccctgctct ggaggggttg 60

cgggtacctg atggccacag agggctctag gaggccgagc gtgtaagcgg ggtgggcgcc 120

atg gag gca gag cag cgg ccg gcg gcg ggg gcc agc gaa ggg gcg acc 168

Met Glu Ala Glu Gln Arg Pro Ala Ala Gly Ala Ser Glu Gly Ala Thr

1

5

10

15

cct gga ctg gag gcg gtg cct ccc gtt gct ccc ccg cct gcg acc gcg 216

Pro Gly Leu Glu Ala Val Pro Pro Val Ala Pro Pro Pro Ala Thr Ala

20

25

30

gcc tca ggt ccg atc ccc aaa tct ggg cct gag cct aag agg agg cac 264

Ala Ser Gly Pro Ile Pro Lys Ser Gly Pro Glu Pro Lys Arg Arg His

35

40

45

ctt ggg acg ctg ctc cag cct acg gtc aac aag ttc tcc ctt cgg gtg 312

Leu Gly Thr Leu Leu Gln Pro Thr Val Asn Lys Phe Ser Leu Arg Val

50

55

60

ttc ggc agc cac aaa gca gtg gaa atc gag cag gag cgg gtg aag tca 360

Phe Gly Ser His Lys Ala Val Glu Ile Glu Gln Glu Arg Val Lys Ser

65

70

75

80

gcg ggg gcc tgg atc atc cac ccc tac agc gac ttc cgg ttt tac tgg 408

Ala Gly Ala Trp Ile Ile His Pro Tyr Ser Asp Phe Arg Phe Tyr Trp

85

90

95

gac ctg atc atg ctg ctg ctg atg gtg ggg aac ctc atc gtc ctg cct 456

Asp Leu Ile Met Leu Leu Leu Met Val Gly Asn Leu Ile Val Leu Pro

100

105

110

gtg ggc atc acc ttc ttc aag gag gag aac tcc ccg cct tgg atc gtc 504

Val Gly Ile Thr Phe Phe Lys Glu Glu Asn Ser Pro Pro Trp Ile Val

115

120

125

ttc aac gta ttg tct gat act ttc ttc cta ctg gat ctg gtg ctc aac 552

Phe Asn Val Leu Ser Asp Thr Phe Phe Leu Leu Asp Leu Val Leu Asn

130

135

140

ttc cga acg ggc atc gtg gtg gag gag ggt gct gag atc ctg ctg gca 600

Phe Arg Thr Gly Ile Val Val Glu Glu Gly Ala Glu Ile Leu Leu Ala

145

150

155

160

ccg cgg gcc atc cgc acg cgc tac ctg cgc acc tgg ttc ctg gtt gac 648

Pro Arg Ala Ile Arg Thr Arg Tyr Leu Arg Thr Trp Phe Leu Val Asp

165

170

175

ctc atc tct tct atc cct gtg gat tac atc ttc cta gtg gtg gag ctg 696



Leu Ile Ser Ser Ile Pro Val Asp Tyr Ile Phe Leu Val Val Glu Leu

180

185

190

gag cca cgg ttg gac gct gag gtc tac aaa acg gca cgg gcc cta cgc 744

Glu Pro Arg Leu Asp Ala Glu Val Tyr Lys Thr Ala Arg Ala Leu Arg

195

200

205

atc gtt cgc ttc acc aag atc cta agc ctg ctg agg ctg ctc cgc ctc 792

Ile Val Arg Phe Thr Lys Ile Leu Ser Leu Leu Arg Leu Leu Arg Leu

210

215

220

tcc cgc ctc atc cgc tac ata cac cag tgg gag gag atc ttt cac atg 840

Ser Arg Leu Ile Arg Tyr Ile His Gln Trp Glu Glu Ile Phe His Met

225

230

235

240

acc tat gac ctg gcc agt gct gtg gtt cgc atc ttc aac ctc att ggg 888

Thr Tyr Asp Leu Ala Ser Ala Val Val Arg Ile Phe Asn Leu Ile Gly

245

250

255

atg atg ctg ctg cta tgt cac tgg gat ggc tgt ctg cag ttc ctg gtg 936

Met Met Leu Leu Leu Cys His Trp Asp Gly Cys Leu Gln Phe Leu Val

260

265

270

ccc atg ctg cag gac ttc cct ccc gac tgc tgg gtc tcc atc aac cac 984

Pro Met Leu Gln Asp Phe Pro Pro Asp Cys Trp Val Ser Ile Asn His

275

280

285

atg gtg gtg aga agt ccc cac agc tct gcc ttt cct ggg cct tct t 1030

Met Val Val Arg Ser Pro His Ser Ser Ala Phe Pro Gly Pro Ser

290

295

300

agggtcttc tgcctgagta gcagggatgg ccacaggag caggaggtgg gagatgatca 1090

caacagaaaa taggagcgag gaggtgggga ggaggaggga aagggaagg agaccagaa 1150

gaagtgtcgtg tgtgttgagg ggagcaggca aaggaagggt acctaccgga aagctgaggc 1210

ccccaagttg caatagagga cccttttgcc tcaggggccc ccagaaccaa acttaagtgc 1270

ctgccaggag gaaggcctgc agtagaagg gcagacagaa agaccaaaga aggaaaagg 1330

gcaggcagag aatgaggctc cgaggggccc atgccagct ctgcaatata ctctgccct 1390

cagaaccact cgtggggccg ccagtattcc catgccctgt tcaaggccat gagccacatg 1450

ctgtgcattg gctatgggca gcaggcacct gtaggcatgc ccgacgtctg gctcaccatg 1510

ctcagcatga tcgtaggtgc cacatgctac gccatgttca tcggccatgc cacggcactc 1570

atccagtcctc tggactcttc ccggcgtcag taccaggaga agtacaagca ggtggagcag 1630

tacatgtcct tccacaagct gccagcagac acgcggcagc gcatccacga gtactatgag 1690

caccgtacc agggcaagat gticgatgag gaaagcatcc tgggcgagct gagcgagccg 1750

cttcgcgagg agatcattaa cticacctgt cggggcctgg tggcccacat gccgctgttt 1810

gcccattccg accccagctt cgtcactgca gtcttcacca agctgcgctt tgaggtcttc 1870

cagccggggg atctcgtggt gcgtgagggc tccgtgggga ggaagatgta cticattccag 1930

catgggctgc tcagtgtgct ggcccgcggc gcccgggaca cacgcctcac cgatggatcc 1990

tactttgggg agatctgcct gctaactagg ggccggcgca cagccagtgt tcgggctgac 2050

acctactgcc gcctttactc actcagcgtg gaccatttca atgctgtgct tgaggagttc 2110

cccatgatgc gccgggcctt tgagactgtg gccatggatc ggctgctccg catcggaag 2170

aagaattcca tactgcagcg gaagcgctcc gagccaagtc caggcagcag tggtggcatc 2230

atggagcagc acttgggtgca acatgacaga gacatggctc ggggtgttcg gggtcgggcc 2290

ccgagcacag gagctcagct tagtggaaag ccagtactgt gggagccact ggtacatgcg 2350

ccccctcagg cagctgctgt gacctccaat gggccattg cctgactca tcagcggggc 2410

cctctgcccc tctccccga cctccagcc accctccttg ctgctctgc ttggcgctca 2470

gcaggctctc cagcttcccc gctgggtccc gtccgagctg gccatgggc atccacctcc 2530

cgcttgcccg cccacctgc ccgaacctg cagccagcc tatccgggc agggcgctcc 2590

caggtctccc tgctgggtcc cctccagga ggaggtggac ggcggctagg acctcggggc 2650

cgccccactct cagcctccca accctctctg cctcagcggg caacaggcga tggctctcct 2710

gggcgtaagg gatcaggaag tgagcggctg cctccctcag ggctcctggc caaacctcca 2770

aggacagccc agccccccag gccaccagtg cctgagccag ccacaccccg gggctctccag 2830

ctttctgcca acatgtaaaa cctttgagta catccagcct tagttcttgg ggtgcagtag 2890

tatgtaccca agggcagatg cctcttgggg aaggccatgg ggacctgaaa cattgccccca 2950

tggaatgtc gacctgtgc ggacattccg catactgcca tgaagacggt ctctgtgtcc 3010

tcagctcaag aatcctgtag ctgtcccat cataatccat tcacccgttc atcatgtgta 3070

ctgagcagct accatgttca aggtaaggag acaggaggag taggaggagg cagggcctct 3130

ccatgccagc ctcctgtggtc cttgccc aaa cccatcagcg caatacttga accttctccc 3190

aggtaggggc aggaggagcc acatgagaga gggagaagga ccgcgtttac ctttagagtt 3250

ttgttttgtt ttttccttct gagtttgctg ttggtgcagg aataaggga aggcccaagg 3310

tatccaagcc tggggaaggg caggccagcc agcacctctg ctttctcagg gacaagagta 3370

gtcctttacc accctcactc tgcctgtccc ctctcctact ctacagcatt aaagactgtg 3420

ggaccagg 3438

【0 0 8 5】

<210> 22

<211> 1144

<212> DNA

<213> Homo sapience

<220>

<221> CDS

<222> (56)...(907)

<400> 22

caaggatctg gaaccctgag cctcgaagcg gaggatccct gtgtcccagc cgggc 55

atg gcc gac ccc cac cag ctt ttc gat gac aca agt tca gcc cag agc 103

Met Ala Asp Pro His Gln Leu Phe Asp Asp Thr Ser Ser Ala Gln Ser

1

5

10

15

cgg ggc tat ggg gcc cag cgg gca cct ggt ggc ctg agt tat cct gca 151

Arg Gly Tyr Gly Ala Gln Arg Ala Pro Gly Gly Leu Ser Tyr Pro Ala

20

25

30

gcc tct ccc acg ccc cat gca gcc ttc ctg gct gac ccg gtg tcc aac 199

Ala Ser Pro Thr Pro His Ala Ala Phe Leu Ala Asp Pro Val Ser Asn

35

40

45

atg gcc atg gcc tat ggg agc agc ctg gcc gcg cag ggc aag gag ctg 247

Met Ala Met Ala Tyr Gly Ser Ser Leu Ala Ala Gln Gly Lys Glu Leu

50

55

60

gtg gat aag aac atc gac cgc ttc atc ccc atc acc aag ctc aag tat 295

Val Asp Lys Asn Ile Asp Arg Phe Ile Pro Ile Thr Lys Leu Lys Tyr

65

70

75

80

tac ttt gct gtg gac acc atg tat gtg ggc aga aag ctg ggc ctg ctg 343

Tyr Phe Ala Val Asp Thr Met Tyr Val Gly Arg Lys Leu Gly Leu Leu

85

90

95

ttc ttc ccc tac cta cac cag gac tgg gaa gtg cag tac caa cag gac 391

Phe Phe Pro Tyr Leu His Gln Asp Trp Glu Val Gln Tyr Gln Gln Asp

100

105

110

acc ccg gtg gcc ccc cgc ttt gac gtc aat gcc ccg gac ctc tac att 439

Thr Pro Val Ala Pro Arg Phe Asp Val Asn Ala Pro Asp Leu Tyr Ile

115

120

125

cca gca atg gct ttc atc acc tac gtt ttg gtg gct ggt ctt gcg ctg 487

Pro Ala Met Ala Phe Ile Thr Tyr Val Leu Val Ala Gly Leu Ala Leu

130

135

140

ggg acc cag gat agg ttc tcc cca gac ctc ctg ggg ctg caa gcg agc 535

Gly Thr Gln Asp Arg Phe Ser Pro Asp Leu Leu Gly Leu Gln Ala Ser

145

150

155

160

tca gcc ctg gcc tgg ctg acc ctg gag gtg ctg gcc atc ctg ctc agc 583

Ser Ala Leu Ala Trp Leu Thr Leu Glu Val Leu Ala Ile Leu Leu Ser

165

170

175

ctc tat ctg gtc act gtc aac acc gac ctc acc acc atc gac ctg gtg 631

Leu Tyr Leu Val Thr Val Asn Thr Asp Leu Thr Thr Ile Asp Leu Val

180

185

190

gcc ttc ttg ggc tac aaa tat gtc ggg atg att ggc ggg gtc ctc atg 679

Ala Phe Leu Gly Tyr Lys Tyr Val Gly Met Ile Gly Gly Val Leu Met

195

200

205

ggc ctg ctc ttc ggg aag att ggc tac tac ctg gtg ctg ggc tgg tgc 727

Gly Leu Leu Phe Gly Lys Ile Gly Tyr Tyr Leu Val Leu Gly Trp Cys

210

215

220

tgc gta gcc atc ttt gtg ttc atg atc cgg acg ctg cgg ctg aag atc 775

Cys Val Ala Ile Phe Val Phe Met Ile Arg Thr Leu Arg Leu Lys Ile

225

230

235

240



ttg gca gac gca gca gct gag ggg gtc ccg gtg cgt ggg gcc cgg aac 823

Leu Ala Asp Ala Ala Ala Glu Gly Val Pro Val Arg Gly Ala Arg Asn

245

250

255

cag ctg cgc atg tac ctg acc atg gcg gtg gcg gcg gcg cag cct atg 871

Gln Leu Arg Met Tyr Leu Thr Met Ala Val Ala Ala Ala Gln Pro Met

260

265

270

ctc atg tac tgg ctc acc ttc cac ctg gtg cgg tgagcgcgcc cgctga 920

Leu Met Tyr Trp Leu Thr Phe His Leu Val Arg

275

280

acctcccgt gctgctgctg ctgctggggg ccactgtggc cgccgaactc atctcctgcc 980

tgcaggcccc aaggccacc ctgtctggcc acaggcaccg cctccatccc atgtcccgcc 1040

cagccccgcc cccaacccaa ggtgctgaga gatctccagc tgcacaggcc accgccccag 1100

ggcgtggccg ctgttacaga aacaataaac cctgatgggc atgg 1144

[0 0 8 6]

<210> 23

<211> 2339

<212> DNA

<213> Homo sapience

<220>

<221> CDS

<222> (253)...(1719)

<400> 23

ctttactcag ggcacagagg gtctctgcgg ccgtagcggc cggggctgcg gtagccactt 60

tagatttggg caaggacttt agattcgggc tctgttctgt ttccgccgtc ctgcttcctg 120

ccgaggctgg cccaggcagc cgcgcttcga aggacgccgc cgggagctgc ggagcatgcg 180

tggagtggca gtgctaacgg ctggtgtctc gcactgttgg cctgtgaagg tacgtgaagc 240

tgaaagcctg ga atg gct gga aag ggg tca tca ggc agg cgg ccc ctg 288

Met Ala Gly Lys Gly Ser Ser Gly Arg Arg Pro Leu

1

5

10

ctg ctg ggg ctg ctg gtg gcc gta gcc act gtc cac ctg gtc atc tgt 336

Leu Leu Gly Leu Leu Val Ala Val Ala Thr Val His Leu Val Ile Cys

15

20

25

ccc tac acc aaa gtg gag gag agc ttc aac ctg cag gcc aca cat gac 384

Pro Tyr Thr Lys Val Glu Glu Ser Phe Asn Leu Gln Ala Thr His Asp

30

35

40

ctg ctc tac cac tgg caa gac ctg gag cag tac gac cat ctt gag ttc 432

Leu Leu Tyr His Trp Gln Asp Leu Glu Gln Tyr Asp His Leu Glu Phe

45

50

55

60

ccc gga gtc gtc ccc agg acg ttc ctc ggg cca gtg gtg atc gca gtg 480

Pro Gly Val Val Pro Arg Thr Phe Leu Gly Pro Val Val Ile Ala Val

65

70

75

ttc tcc agc ccc gcg gtt tac gtg ctt tcg ctg tta gaa atg tcc aag 528

Phe Ser Ser Pro Ala Val Tyr Val Leu Ser Leu Leu Glu Met Ser Lys

80

85

90

ttt tac tct cag cta ata gtt aga gga gtg ctt gga ctc ggc gtg att 576

Phe Tyr Ser Gln Leu Ile Val Arg Gly Val Leu Gly Leu Gly Val Ile

95

100

105

ttt gga ctc tgg acg tta caa aag gaa gtg aga cgg cac ttc ggg gcc 624

Phe Gly Leu Trp Thr Leu Gln Lys Glu Val Arg Arg His Phe Gly Ala

110

115

120

atg gtg gcc acc atg ttc tgc tgg gtg acg gcc atg cag ttc cac ctg 672

Met Val Ala Thr Met Phe Cys Trp Val Thr Ala Met Gln Phe His Leu

125

130

135

140

atg ttc tac tgc acg cgg aca ctg ccc aat gtg ctg gcc ctg cct gta 720

Met Phe Tyr Cys Thr Arg Thr Leu Pro Asn Val Leu Ala Leu Pro Val

145

150

155

gtc ctg ctg gcc ctc gcg gcc tgg ctg cgg cac gag tgg gcc cgc ttc 768

Val Leu Leu Ala Leu Ala Ala Trp Leu Arg His Glu Trp Ala Arg Phe

160

165

170

atc tgg ctg tca gcc ttc gcc atc atc gtg ttc agg gtg gag ctg tgc 816

Ile Trp Leu Ser Ala Phe Ala Ile Ile Val Phe Arg Val Glu Leu Cys

175

180

185

ctg ttc ctg ggc ctc ctg ctg ctg ctg gcc ttg ggc aac cga aag gtt 864

Leu Phe Leu Gly Leu Leu Leu Leu Leu Ala Leu Gly Asn Arg Lys Val

190

195

200

tct gta gtc aga gcc ctt cgc cac gcc gtc ccg gca ggg atc ctc tgt 912

Ser Val Val Arg Ala Leu Arg His Ala Val Pro Ala Gly Ile Leu Cys

205

210

215

220

tta gga ctg acg gtt gct gtg gac tct tat ttt tgg cgg cag ctc act 960

Leu Gly Leu Thr Val Ala Val Asp Ser Tyr Phe Trp Arg Gln Leu Thr

225

230

235

tgg ccg gaa gga aag gtg ctt tgg tac aac act gtc ctg aac aaa agc 1008

Trp Pro Glu Gly Lys Val Leu Trp Tyr Asn Thr Val Leu Asn Lys Ser

240

245

250

tcc aac tgg ggg acc tcc ccg ctg ctg tgg tac ttc tac tca gcc ctg 1056

Ser Asn Trp Gly Thr Ser Pro Leu Leu Trp Tyr Phe Tyr Ser Ala Leu

255

260

265

ccc cgc ggc ctg ggc tgc agc ctg ctc ttc atc ccc ctg ggc ttg gta 1104

Pro Arg Gly Leu Gly Cys Ser Leu Leu Phe Ile Pro Leu Gly Leu Val

270

275

280

gac aga agg acg cac gcg ccg acg gtg ctg gca ctg ggc ttc atg gca 1152

Asp Arg Arg Thr His Ala Pro Thr Val Leu Ala Leu Gly Phe Met Ala

285

290

295

300

ctc tac tcc ctc ctg cca cac aag gag cta cgc ttc atc atc tat gcc 1200

Leu Tyr Ser Leu Leu Pro His Lys Glu Leu Arg Phe Ile Ile Tyr Ala

305

310

315

ttc ccc atg ctc aac atc acg gct gcc aga ggc tgc tcc tac ctg ctg 1248

Phe Pro Met Leu Asn Ile Thr Ala Ala Arg Gly Cys Ser Tyr Leu Leu

320

325

330

aat aac tat aaa aag tct tgg ctg tac aaa gca ggg tct ctg ctt gtg 1296

Asn Asn Tyr Lys Lys Ser Trp Leu Tyr Lys Ala Gly Ser Leu Leu Val

335

340

345

atc gga cac ctc gtg gtg aat gcc gcc tac tca gcc acg gcc ctg tat 1344

Ile Gly His Leu Val Val Asn Ala Ala Tyr Ser Ala Thr Ala Leu Tyr

350

355

360

gtg tcc cat ttc aac tac cca ggt ggc gtc gca atg cag agg ctg cac 1392

Val Ser His Phe Asn Tyr Pro Gly Gly Val Ala Met Gln Arg Leu His

365

370

375

380

cag ctg gtg ccc ccc cag aca gac gtc ctt ctg cac att gac gtg gca 1440

Gln Leu Val Pro Pro Gln Thr Asp Val Leu Leu His Ile Asp Val Ala

385

390

395

gcc gcc cag aca ggt gtg tct cgg ttt ctc caa gtc aac agc gcc tgg 1488

Ala Ala Gln Thr Gly Val Ser Arg Phe Leu Gln Val Asn Ser Ala Trp

400

405

410

agg tac gac aag agg gag gat gtg cag ccg ggg aca ggc atg ctg gca 1536

Arg Tyr Asp Lys Arg Glu Asp Val Gln Pro Gly Thr Gly Met Leu Ala

415

420

425

tac aca cac atc ctc atg gag gcg gcc cct ggg ctc ctg gcc ctc tac 1584

Tyr Thr His Ile Leu Met Glu Ala Ala Pro Gly Leu Leu Ala Leu Tyr

430

435

440

agg gac aca cac cgg gtc ctg gcc agc gtc gtg ggg acc aca ggt gtg 1632

Arg Asp Thr His Arg Val Leu Ala Ser Val Val Gly Thr Thr Gly Val

445

450

455

460

agt ctg aac ctg acc caa ctg ccc ccc ttc aac gtc cac ctg cag aca 1680

Ser Leu Asn Leu Thr Gln Leu Pro Pro Phe Asn Val His Leu Gln Thr

465

470

475

aag ctg gtg ctt ctg gag agg ctc ccc cgg ccg tcc tgagggggac cagg 1730

Lys Leu Val Leu Leu Glu Arg Leu Pro Arg Pro Ser

480

485

cagccctcag cagccacagg ccttccagga gctgttatca ctaccagttt ctggcacaat 1790



tccagcacia ttatgacaat tcagagaagc aagicaaagg actgggcacc tgcctctgac	1850
agacaccaga ccagggtccag ggcctcctcc acagcctcag ctggggctct cagcaccaaa	1910
gaacgagggg cccaggtctt gttggcacc cgggagccac tgcccagggt gatggtggcc	1970
agctcagggc ttcttgcggg tgactgtcgc ccagaccagg tgccattcat gactaatcag	2030
gagcagcggg ctaccccagg cacctgtctg ccaggaggcc acgtgtgtcc tgcccaccca	2090
gggggagctg tattttggca gcacccaacg cttgtgtccc gagggcctct tggggcacct	2150
aagacagcac cccctctcag gggagaccat ggtggccccg gccgcacccc cccaccctgg	2210
tgccaccact gcaacttttg tattcacagg catcccatct ccatcacaga taaaatctta	2270
ggagataaac acattcaaaa aggaatgaga taaaaagaat aaggcaataa atgttgattg	2330
gaacctctc	2339

【 0 0 8 7 】

<210> 24  
 <211> 1756  
 <212> DNA  
 <213> Homo sapience  
 <220>  
 <221> CDS

<222> (102)...(650)

<400> 24

gtgtgcctg ccttccttcc gcacagcccg ggtttccgct tccctccggg cgcgagaaga 60

ggggagccag gccgagcccc ggccctaccg ccgcccgcgc c atg tgg ccc cca 113

Met Trp Pro Pro

1

gac ccc gac ccc gac ccg gac ccc gag cct gcc ggc ggc tcc cgt ccc 161

Asp Pro Asp Pro Asp Pro Asp Pro Glu Pro Ala Gly Gly Ser Arg Pro

5 10 15 20

ggc ccc gcg gtc ccc ggg ctc cgc gcc ctg ctg ccg gcg cgg gct ttc 209

Gly Pro Ala Val Pro Gly Leu Arg Ala Leu Leu Pro Ala Arg Ala Phe

25 30 35

ctc tgc tct ctc aaa ggc cgc ctc ctg ctg gcc gag tcg ggt ctc tca 257

Leu Cys Ser Leu Lys Gly Arg Leu Leu Leu Ala Glu Ser Gly Leu Ser

40 45 50

ttc atc act ttt atc tgc tat gtg gcg tcc tca gca tct gcc ttc ctc 305

Phe Ile Thr Phe Ile Cys Tyr Val Ala Ser Ser Ala Ser Ala Phe Leu

55

60

65

aca gcg cct ctg ctg gag ttc ctg ctg gcc ttg tac ttc ctc ttt gct 353

Thr Ala Pro Leu Leu Glu Phe Leu Leu Ala Leu Tyr Phe Leu Phe Ala

70

75

80

gat gcc atg cag ctg aat gac aag tgg cag ggc ttg tgc tgg ccc atg 401

Asp Ala Met Gln Leu Asn Asp Lys Trp Gln Gly Leu Cys Trp Pro Met

85

90

95

100

atg gac ttc ctg cgc tgt gtc acc gcg gcc ctc atc tac ttt gct atc 449

Met Asp Phe Leu Arg Cys Val Thr Ala Ala Leu Ile Tyr Phe Ala Ile

105

110

115

tcc atc acg gcc atc gcc aag tac tcg gat ggg gct tcc aaa gcc gct 497

Ser Ile Thr Ala Ile Ala Lys Tyr Ser Asp Gly Ala Ser Lys Ala Ala

120

125

130

ggg gtg ttt ggc ttc ttt gct acc atc gtg ttt gca act gat ttc tac 545

Gly Val Phe Gly Phe Phe Ala Thr Ile Val Phe Ala Thr Asp Phe Tyr

135

140

145

ctg atc ttt aac gac gtg gcc aaa ttc ctc aaa caa ggg gac tct gca 593

Leu Ile Phe Asn Asp Val Ala Lys Phe Leu Lys Gln Gly Asp Ser Ala

150

155

160

gat gag acc aca gcc cac aag aca gaa gaa gag aat tcc gac tcg gac 641

Asp Glu Thr Thr Ala His Lys Thr Glu Glu Glu Asn Ser Asp Ser Asp

165

170

175

180

tct gac tgaaggcctg gcgggtgcct tggcaacctg agccacacag gcc 690

Ser Asp

tccaccctg cgcctcacag gggtcgctgg cgttggagcg gaggcctgga cttctgagtt 750

gcagaggggg ctgcggacac agcaggcccc ctacagcctc aggttctgcc tgagcccagc 810

ctaccaggct tgcccctcag ctacgactg ttgaccacgc tgcgtatgag ggcatcttgg 870

gtatccact ctttctccc atttctgtcc cacaggcctt cagcccttta acgtctctgc 930

caaaaaccag cacaaggaga caaagcagag ccttgtctgt atctgggcag caggtgttcc 990

atgctgctag gtggcggggg tcgggggtct tctgtttcac taacaggaac aaagacagaa 1050

accatgacag ggctgccccg ccaggccccg gtgggtttgt ctgcacttgg tgctcctgcc 1110

cacaccagcc actttggtga caatgacct tccaagaatc tttggttcaa ggagcaccag 1170

ttccctcttc attcttgaag cagggagaaa ttgaccttg ccttgtcgcc caggaagtgg 1230

ggctcggcac ccataactaa cacctccac ccttggaac catgtcttct gggggtgaga 1290

tgaccattct gggcttaaga ctgtttcaaa gaagagctca tagactgact ggtccagaag 1350

acagagggtta caacagtggc atcacagtga cagtgtcatg gggagctggg cgggcccagc 1410

caaaccctcc ttcttcctag agcccagcca gcaggcagga gttcctggac cctcaggaca 1470

gtgaacttcc agacctcagg gcaggtctat gggccactgc aggagatgag accagccttc 1530

tgtgttcacc taacgattta tactgtgtat ctgtctttga tggaattttg taacttttta 1590

tattttttta tgcaaaagca gttcttaac agatggcatt ttctgtgact ctaggcctca 1650

caaaagagcc agagtcttg acccatgttt ggagcatttg tagccttatt ctcttgctg 1710

tgaatctctt accctgaaaa aaagccataa tgaattaagc caaaag

1756

【 0 0 8 8 】

<210> 25

<211> 1418

<212> DNA

<213> Homo sapience

<220>

<221> CDS

<222> (149)...(703)

<400> 25

attggtccta gcggggggcc gggggcggac accggcgcgg ggccggagca gcgcggctca 60

ggctgcggga aagcgggtcg cgtgcagcgg ggtgggtgcc ctggtccgcg ggcgagctcg 120

agcagccaac cccgggcgcg tcggggcc atg gac ggc ctg agg cag cgc gtg 172

Met Asp Gly Leu Arg Gln Arg Val

1

5

gag cac ttc ctg gag caa agg aac ctg gtc acc gaa gtg ctg ggg gcg 220

Glu His Phe Leu Glu Gln Arg Asn Leu Val Thr Glu Val Leu Gly Ala

10

15

20

ctg gag gcc aag acc ggg gtg gag aag cgg tat ctg gct gca gga gcc 268

Leu Glu Ala Lys Thr Gly Val Glu Lys Arg Tyr Leu Ala Ala Gly Ala

25

30

35

40

gtc act ctg cta agc ctg tat ctg ctg ttc ggc tac gga gcg tct ctg 316

Val Thr Leu Leu Ser Leu Tyr Leu Leu Phe Gly Tyr Gly Ala Ser Leu

45

50

55

ctg tgc aat ctc atc gga ttt gtg tac ccc gca tat gcc tca atc aaa 364

Leu Cys Asn Leu Ile Gly Phe Val Tyr Pro Ala Tyr Ala Ser Ile Lys

60

65

70

gct atc gag agc cca agc aag gac gac gac act gtg tgg ctc acc tac 412

Ala Ile Glu Ser Pro Ser Lys Asp Asp Asp Thr Val Trp Leu Thr Tyr

75

80

85

tgg gtg gtg tac gcc ctg ttt ggg ctg gcc gag ttc ttc agc gat cta 460

Trp Val Val Tyr Ala Leu Phe Gly Leu Ala Glu Phe Phe Ser Asp Leu

90

95

100

ctc ctg tcc tgg ttc cct ttc tac tac gtg ggc aag tgc gcc ttc ctg 508

Leu Leu Ser Trp Phe Pro Phe Tyr Tyr Val Gly Lys Cys Ala Phe Leu

105 110 115 120

ttg ttc tgc atg gct ccc agg ccc tgg aac ggg gct ctc atg ctg tat 556

Leu Phe Cys Met Ala Pro Arg Pro Trp Asn Gly Ala Leu Met Leu Tyr

125 130 135

cag cgc gtc gtg cgt ccg ctg ttc cta agg cac cac ggg gcc gta gac 604

Gln Arg Val Val Arg Pro Leu Phe Leu Arg His His Gly Ala Val Asp

140 145 150

aga atc atg aac gac ctc agc ggg cga gcc ctg gac gcg gcg gcc gga 652

Arg Ile Met Asn Asp Leu Ser Gly Arg Ala Leu Asp Ala Ala Ala Gly

155 160 165

ata acc agg aac gtc aag cca agc cag acc ccg cag ccg aag gac aag 700

Ile Thr Arg Asn Val Lys Pro Ser Gln Thr Pro Gln Pro Lys Asp Lys

170 175 180



tgaagcagcc ccctgagcct cacaaggacc tcctggctgg tgaggagggg gccgcgccag	760
gctcccaggc ctccacagag tcttcagcgc atcccccaac agcagcccct gccagtcctt	820
cgggtccagg caaggccctg ggggtctcct taaatgccac ctctgggcaag tcccagtccc	880
agtctctggc cccccccagc tctggatccc agggccagct gccctctggc tctggctgtg	940
gctcccgcct gtccggcagg gcccagggcc agcgtcgggc acagggcagc tcccactggt	1000
ctcggcaaca caccagccg cctggtactt cctccggccc ctcccagtea gccctcccgt	1060
cctcggggcc cctgcagcca cccaacgtca cctccagccc ggtctcaccc atggtccagt	1120
ctcccagcag cagcaacatc cccacgcagc cccccagcaa gtcctctggc aagccggagg	1180
acgcagcccc caagaccagc ggacagcgcc agaaggaatc gtcgaaacag cctgccagca	1240
gcgcctcagt gcccagctg gtcccctgcc attccgggac ctctctggag tacacttcgg	1300
agtccaccac cgagatcacc tgcagctggc cacaccacag gccccgtgc ctgcagcact	1360
actggtgcct gaaacacctg gcctgctagg aggctccaat aaagctaacc cggaccag	1418

【 0 0 8 9 】

<210> 26

<211> 1211

<212> DNA

<213> Homo sapience

<220>

<221> CDS

<222> (133)...(555)

<400> 26

gaaaatggct caggtaggact ccgggctgga gctgtcctgg gggagcttgt ttgcggcagc 60

ggctgctgct gccactgctg tgctgggggc ccggtcgcca ggcaaaaagc cctcccacgt 120

ttgaggggag tc atg agc cgt ttc ctg aat gtg tta aga agt tgg ctg 168

Met Ser Arg Phe Leu Asn Val Leu Arg Ser Trp Leu

1

5

10

gtt atg gtg tcc atc ata gcc atg ggg aac acg ctg cag agc ttc cga 216

Val Met Val Ser Ile Ile Ala Met Gly Asn Thr Leu Gln Ser Phe Arg

15

20

25

gac cac act ttt ctc tat gaa aag ctc tac act ggc aag cca aac ctt 264

Asp His Thr Phe Leu Tyr Glu Lys Leu Tyr Thr Gly Lys Pro Asn Leu

30

35

40

gtg aat ggc ctc caa gct cgg acc ttt ggg atc tgg acg ctg ctc tca 312

Val Asn Gly Leu Gln Ala Arg Thr Phe Gly Ile Trp Thr Leu Leu Ser

45

50

55

60

tca gtg att cgc tgc ctc tgt gcc att gac att cac aac aag acg ctc 360

Ser Val Ile Arg Cys Leu Cys Ala Ile Asp Ile His Asn Lys Thr Leu

65

70

75

tat cac atc aca ctc tgg acc ttc ctc ctt gcc ctg ggg cat ttc ctc 408

Tyr His Ile Thr Leu Trp Thr Phe Leu Leu Ala Leu Gly His Phe Leu

80

85

90

tct gag ttg ttt gtc tat gga act gca gct ccc acg att ggc gtc ctg 456

Ser Glu Leu Phe Val Tyr Gly Thr Ala Ala Pro Thr Ile Gly Val Leu

95

100

105

gca ccc ctg atg gtg gca agt ttc tcc atc ctg ggt atg ctg gtc ggg 504

Ala Pro Leu Met Val Ala Ser Phe Ser Ile Leu Gly Met Leu Val Gly

110

115

120

ctc cgg tat cta gaa gta gaa cca gta tcc aga cag aag aag aga aac 552

Leu Arg Tyr Leu Glu Val Glu Pro Val Ser Arg Gln Lys Lys Arg Asn

125

130

135

140

tgaggcca gcattatcac ctccaggact ttctcgtttt ccaccttgge catcttcttc 610

cttcgtcgtc tctcctcttt aatttctttt ctattccatc atctgccctt ttattcactt 670

ttagcctctt tttttaattt ttaaaattta aagatatgca tactgaaaag tatataacat 730

gtacgtacaa tttaaagaat aattttaaag tgaatactac gtaactccat ccaagtcaag 790

aaattgccag ctctcggaa gcccaactgtg tctccttccc ctacctgcaa cctcttccag 850

gctccctttt ccagccttcc cctttttccc tttattttc atgccttgat ttgacttggtg 910

tggtgggaac atgtgaacta tgaaacttaa acctgctgcc caccagagc agctgtgacc 970

aagggtgcc tcaaggggtt gtccacgcag gtggggctcc tctctgctgc tggacccaag 1030

actctgaacc ttccaaggga caggcagttc ttctaagaag ggctcccctg tgtgtgagca 1090

agaccacagc tctccttcta tctacagatg catgagggtt ggaagagtct gggctgtttt 1150

tagaccttct ggtagctgt atttgtgtaa caacttttgt aataaataga aaaaccctct 1210

g

1211

【0 0 9 0】

<210> 27

<211> 1099

<212> DNA

<213> Homo sapience

<220>

<221> CDS

<222> (183)...(644)

<400> 27

gtatccgcgg ccgtagcagc cgggctggtc ctgctgcgag ccggcggccc ggagtggggc 60

ggcggcatgt accttccaca ttgagtattc agaaagaagt gatctgaact ctgaccattc 120

tttatggata cattaagtca aatataagag tctgactact tgacacactg gctcgagcaa 180

ac atg aac gtt gga gtt gcc cac agt gaa gtg aat cca aat acc cgt 227

Met Asn Val Gly Val Ala His Ser Glu Val Asn Pro Asn Thr Arg

1 5 10 15

gtc atg aac agc cgg ggt atg tgg ctg aca tat gca ttg gga gtt ggc 275

Val Met Asn Ser Arg Gly Met Trp Leu Thr Tyr Ala Leu Gly Val Gly

20 25 30

ttg ctt cat att gtc tta ctc agc att ccc ttc ttc agt gtt cct gtt 323

Leu Leu His Ile Val Leu Leu Ser Ile Pro Phe Phe Ser Val Pro Val

35

40

45

gct tgg act tta aca aat att ata cat aat ctg ggg atg tac gta ttt 371

Ala Trp Thr Leu Thr Asn Ile Ile His Asn Leu Gly Met Tyr Val Phe

50

55

60

ttg cat gca gtg aaa gga aca cct ttc gaa act cct gac cag ggt aaa 419

Leu His Ala Val Lys Gly Thr Pro Phe Glu Thr Pro Asp Gln Gly Lys

65

70

75

gca agg ctc cta act cat tgg gaa caa ctg gac tat gga gta cag ttt 467

Ala Arg Leu Leu Thr His Trp Glu Gln Leu Asp Tyr Gly Val Gln Phe

80

85

90

95

aca tct tca cgg aag ttt ttc aca att tct cca ata att cta tat ttt 515

Thr Ser Ser Arg Lys Phe Phe Thr Ile Ser Pro Ile Ile Leu Tyr Phe

100

105

110

ctg gca agt ttc tat acg aag tat gat cca act cac ttc atc cta aac 563

Leu Ala Ser Phe Tyr Thr Lys Tyr Asp Pro Thr His Phe Ile Leu Asn

115

120

125

aca gct tct ctc ctg agt gta cta att ccc aaa atg cca caa cta cat 611

Thr Ala Ser Leu Leu Ser Val Leu Ile Pro Lys Met Pro Gln Leu His

130

135

140

ggc gtt cgg atc ttt gga att aat aag tat tgaaatgttt tgaaactga 660

Gly Val Arg Ile Phe Gly Ile Asn Lys Tyr

145

150

aaaaaaatTT tacagctact gaatttctta taaggaagga gtggttagta aactgcactg 720

tttctctgat aatgtgaaat gagaagtatt tacattggag ggccaatggc tggctcctca 780

agtgcctgttt tgaagtcag atttccatta aatgatgcct ctgtttaata cacctggtac 840

atttctgaag aggggcttta taagcaggct gggcaggccc agcttataag ttaaagggca 900

tcacagttag ggtgtagtag ataaattcaa ggaaataaga gatttgtaag aaactaggac 960

cagcttaact tataatgaat gggcattgtg ttaagaaaag aacatticca gtcattcagc 1020

tgttggttatt taaagcagac ttacatgtaa accggaatcc tctctataca agtttattaa 1080

agattatattt tattaccgt 1099

[ 0 0 9 1 ]

<210> 28

<211> 3489

<212> DNA

<213> Homo sapience

<220>

<221> CDS

<222> (227)...(748)

<400> 28

gcgtgcattt ttctggagaa ctgcatgcat catgctctct ctgtgtgcat tttcctggac 60

aaaagcccat agtgcctatc agattctcaa agggactcct gactccagaa agtttaaaaa 120

ccattaggct taaggaagca catacctact ctgtactcca gggaccaggt gggaacagct 180

gagtgcaggg agtggctttc tctttcagac cctctcccgg agcccc atg gct gcc 235

Met Ala Ala

1

ttc ctg ata cag acc aag gac aac ccc atg aag gcc gtg ggt gtg ctg 283



Phe Leu Ile Gln Thr Lys Asp Asn Pro Met Lys Ala Val Gly Val Leu

5

10

15

gcc ggc acc atg gcc acc gtc gtg gcc atc act gtc ctc atc tcc acc 331

Ala Gly Thr Met Ala Thr Val Val Ala Ile Thr Val Leu Ile Ser Thr

20

25

30

35

gcc acc ttc tgg cgc aac aag aag tct aac aag gtc ctg cca atg cgg 379

Ala Thr Phe Trp Arg Asn Lys Lys Ser Asn Lys Val Leu Pro Met Arg

40

45

50

cgg gtg ctc cgc aag cgg ccc agc cct gcg ccc cgc acc atc cgc att 427

Arg Val Leu Arg Lys Arg Pro Ser Pro Ala Pro Arg Thr Ile Arg Ile

55

60

65

gag tgg ctc aag tcc aag agc acc aaa gcc gct acc aag ttc atg ctc 475

Glu Trp Leu Lys Ser Lys Ser Thr Lys Ala Ala Thr Lys Phe Met Leu

70

75

80

aaa gag aaa cct ccc aat gag aac tgt aac aac aac agc cca gaa agc 523

Lys Glu Lys Pro Pro Asn Glu Asn Cys Asn Asn Asn Ser Pro Glu Ser

85

90

95

tct ctg ctc ccg aga gct ccg gct ctc cct cca cca ccc agc gtg gcg 571

Ser Leu Leu Pro Arg Ala Pro Ala Leu Pro Pro Pro Pro Ser Val Ala

100

105

110

115

ccc agc act ggc gca gcc cag tgg acc gtg cct act gtc tct ggc tct 619

Pro Ser Thr Gly Ala Ala Gln Trp Thr Val Pro Thr Val Ser Gly Ser

120

125

130

ctc act ccg cag ccg acc caa ccc ccg cca aaa ccc aaa act atg gga 667

Leu Thr Pro Gln Pro Thr Gln Pro Pro Pro Lys Pro Lys Thr Met Gly

135

140

145

agc ccc gtc cag tca act ctg atc tct gag ctc aag caa aag ttt gag 715

Ser Pro Val Gln Ser Thr Leu Ile Ser Glu Leu Lys Gln Lys Phe Glu

150

155

160

aag aag agt gtg cac aac aag gct tac ttc tagtgtatgc cctat 760

Lys Lys Ser Val His Asn Lys Ala Tyr Phe

165

170

gacccccat ctttctccg cccctgaccc ccaccaccct gctgctcgga ctatgctccc 820

cttctctgc tccttaaggt cactgacccc tgttttgac aatggtataa tccccactgt 880

cctcatctct accgccacct tctggcgcaa caagaattg cgctctgaca gggctctagt 940

cagggccttg ggcaagacat tgggctctag gatgcaattg gcaaatacgt ccccgttact 1000

caaatccttg gcactactac aatgccctcc attcttcagg gctgagaatt gacgagaagc 1060

cagctacccc atcccagacc tcacagtccc tcaggttcta ctgggatctc atcatcatcc 1120

ttagtcaagc agcagggccc tggccacgtg gagcaacact gactagaatc tggatcctga 1180

cgctgcagc tgagagcagg agcaggaaaa ggaggctcag cactgtctca ggctggaggt 1240

cagcgaacct cgtgggctgt aggaaagcaa atgtaggtaa ggggagagca aggatgcaca 1300

gaaaacacac tgactgtggg actgtgccag gatgcatttg gaaagataga gcattctgtc 1360

tgggcagaga ctgtggaccc tggatatccc acgtgggaca gaggacacag aggtggaaga 1420

ttgatcttgc caagagtgag ggcagatgtc tccagccagg acigccctga gccgcaaaat	1480
gtcaaagctg gagctataga ggtagcccta aaggcaacta gaagagcatc agggctgctc	1540
tctgaggagc tgccccacca gccatccttg aagagacaat tcagggcagt tgatgaatat	1600
cagggctgag atgtggtgag acttccgttt ttatccagct cttttgctca catcgcgtaa	1660
ccttgggaaa gctgtttaaa gtcgctgac atcctcttcc tcactctgta atgaagaaag	1720
taggccctgt ctacctcaca tgcaggtcta gggtaggat tgaagaaaat agtggtgatg	1780
agggctttaa ccaagtgcaa agcggcatga atgcaaagta ttttctgca gccagttct	1840
gtgggtgcag ctcttccaga aagtattagg agcctcacat ctactctgcc aagcgcccca	1900
gcaggcactg tgctgggctt aggggctacc actggatgat ggcatcgccg tgactcacac	1960
acctctactt ctgttcttcc ctactccat ccccgctacc gtcctggcca gctaccgtca	2020
gagagaacca gagctccaag tctttaattt gccaatgta agaaaatgag ttctcaagga	2080
gggaatgctt tgcttgaggc cacacagcag gttggtagca aagatcttgt ctagccaggg	2140
cagcccttat cagcttgtga caaccttccc caggacagaa gtcatacaag gcctctgggg	2200
ttaatacaaa taggttgtgc cctgctttaa ggaacctgct atcaggaaat ctacatgtgt	2260
gcacagagag agaaaagtag aacagttctt tgcatttggc tctacttact aacaaccct	2320

ctagaataca ttgggtgattt catttaaaga gattgtatgc atttgtggct ttcctgattt	2380
ctgagtcctgt gtttggaggt gttactgaga tgtgccagtg tgcagaatcc ttgctggggt	2440
ttctacagtc cccaacgiga acagtattaa gcaagaggig gactcgagca atccaggagc	2500
ccagactgag caaataagta ctttccagcc tgtgtttcag gagaggactg tgctggatca	2560
tgcttgcctt ccacaggga tacagcatcc ttacagcttg catgcaatca acctctttg	2620
taaatggaaa ataaagtcig ttacccaaag gccatgciga tcccctgctc cctgctttca	2680
tttatgtttg ctgacctgtg gagaccagtc ttcttgacac acagtgaagc tcaacttgcc	2740
tcctggctgc ttacgcaggt ggatccattc ttcgaccccc agatgtgact ctaaagaagg	2800
ctgaaaattt ttgtccaaat tgccatgcag atatcttgaa cagcaggaca ttgacaggcc	2860
ttgtctactg gacttttctc ccaaacagga caagcccagg cagggtgca tggagaggaa	2920
tggaacctgg agctagaatt aattgccac tctccaccc taccagtga gcccggaag	2980
ggcaggaatt gggaggccta ggggtggcat gaaagcttgg gaagcactgt cgtctctcag	3040
acaggcgtcc taaagacctc taggctggaa gcttgggctt gcaagtggat ccgggaccga	3100
gggtggtctc ttggacaacc ccaggaactt ggaccaaggc agagccaatc ttgcaaactg	3160

gccatggatg gggaagtgcc cggtagccag catgagccac actaggaaag aggaggaggg 3220

tgcagccaaa cttaaggcac cggcaagtgt tgtcagcact ggaggagacc ccgccagtgg 3280

ggtgaggcca gccaaagtccc tgtgttacga atggtgggcc aaggggctgt ctgctaggtc 3340

cagtaggaca ggcagagctc caggctggca ccatggtagg cctccaggga aagagctggg 3400

aggcaggaat ggcacactgg gcaggcttgc ccattcctgg ccctgagaat ggagctgtag 3460

cctcatggac aataaatgga tgtgacacc 3489

[0092]

<210> 29

<211> 931

<212> DNA

<213> Homo sapience

<220>

<221> CDS

<222> (25)...(252)

<400> 29

ctgacggacg cttcggccgt aacg atg atc gga gac atc ctg ctg ttc ggg 51

Met Ile Gly Asp Ile Leu Leu Phe Gly

1

5

acg ttg ctg atg aat gcc ggg gcg gtg ctg aac ttt aag ctg aaa aag 99

Thr Leu Leu Met Asn Ala Gly Ala Val Leu Asn Phe Lys Leu Lys Lys

10

15

20

25

aag gac acg cag ggc ttt ggg gag gag tcc agg gag ccc agc aca ggt 147

Lys Asp Thr Gln Gly Phe Gly Glu Glu Ser Arg Glu Pro Ser Thr Gly

30

35

40

gac aac atc cgg gaa ttc ttg ctg agc ctc aga tac ttt cga atc ttc 195

Asp Asn Ile Arg Glu Phe Leu Leu Ser Leu Arg Tyr Phe Arg Ile Phe

45

50

55

atc gcc ctg tgg aac atc ttc atg atg ttc tgc atg att gtg ctg ttc 243

Ile Ala Leu Trp Asn Ile Phe Met Met Phe Cys Met Ile Val Leu Phe

60

65

70

ggc tct tgaatcccag cgatgaaacc aggaactcac tttcccggga tgccgagtct c 300

Gly Ser

75

cattcctcca ttcctgatga cttcaagaat gtttttgacc agaaaaccga caaccttccc	360
agaaagtcca agctcgtggt ggggtggaaaa gtgttcgcca aggtgtgcat ggtttcccag	420
ccacgtccct gttttcaaag atagtttcac tttggctcct gaattgaaat gctgtctact	480
gaaagggttt caggagcgtt tatgtaagg gctgtgatga aattgcattc cccatagata	540
aaagaaaaat catttctatc cagagatctg agcagaagga ttggcttggt agtttaacac	600
agccgtgttt ttggacattc agtggttactt gctgagctg acagcctctg ggcccggcca	660
ggggccctgt taacaaactg ctttcacatc ccaacagggt ctgcttgcc actcagtga	720
gctgcgatta accctaaagg cttaaggaa cgggccacct gtaacagaga caccagcctt	780
cctgtataga cactaaattg ttagcaagag tgttgagcta gtccctgggt aagtgtttcc	840
acagaagaca tgtggagcag ttgtggggat attaaggga actttcctct gccttgaccc	900
ctttgttaaa taaaatgact ttgggagcca t	931

【 0 0 9 3 】

<210> 30  
 <211> 1123  
 <212> DNA  
 <213> Homo sapience  
 <220>



<221> CDS

<222> (68)...(547)

<400> 30

gttccccgag ttcggagcct aggagcccc cgcggtgctg gcgcaggtgc cctcggcctg 60

agtcggg atg gag ctg cct gct gtg aac ctg aag gtg att ctc cta ggt 109

Met Glu Leu Pro Ala Val Asn Leu Lys Val Ile Leu Leu Gly

1

5

10

cac tgg ctg ctg aca acc tgg ggc tgc att gta ttc tca ggc tcc tat 157

His Trp Leu Leu Thr Thr Trp Gly Cys Ile Val Phe Ser Gly Ser Tyr

15

20

25

30

gcc tgg gcc aac ttc acc atc ctg gcc ttg ggc gtg tgg gct gtg gct 205

Ala Trp Ala Asn Phe Thr Ile Leu Ala Leu Gly Val Trp Ala Val Ala

35

40

45

cag cgg gac tcc atc gac gcc ata agc atg ttt ctg ggt ggc ttg ctg 253

Gln Arg Asp Ser Ile Asp Ala Ile Ser Met Phe Leu Gly Gly Leu Leu

50

55

60

gcc acc atc ttc ctg gac atc gtg cac atc agc atc ttc tac ccg cgg 301

Ala Thr Ile Phe Leu Asp Ile Val His Ile Ser Ile Phe Tyr Pro Arg

65

70

75

gtc agc ctc acg gac acg ggc cgc ttt ggc gtg ggc atg gcc atc ctc 349

Val Ser Leu Thr Asp Thr Gly Arg Phe Gly Val Gly Met Ala Ile Leu

80

85

90

agc ttg ctg ctc aag ccg ctc tcc tgc tgc ttc gtc tac cac atg tac 397

Ser Leu Leu Leu Lys Pro Leu Ser Cys Cys Phe Val Tyr His Met Tyr

95

100

105

110

cgg gag cgc ggg ggt gag ctc ctg gtc cac act ggt ttc ctt ggg tct 445

Arg Glu Arg Gly Gly Glu Leu Leu Val His Thr Gly Phe Leu Gly Ser

115

120

125

tct cag gac cgt agt gcc tac cag acg att gac tca gca gag gcg ccc 493

Ser Gln Asp Arg Ser Ala Tyr Gln Thr Ile Asp Ser Ala Glu Ala Pro

130

135

140

gca gat ccc ttt gca gtc cca gag ggc agg agt caa gat gcc cga ggg 541

Ala Asp Pro Phe Ala Val Pro Glu Gly Arg Ser Gln Asp Ala Arg Gly

145

150

155

tac tgaagccagc cacgtgcgc ccggccctgc cccgggcctt cctcgtgcct gggagg 600

Tyr

tcgttctagg gatgctcctg acctccgtct ctggacctt agatggaatg tgtccccagc 660

tcagggattg cctgaaccaa gaggccagga gccccatgg gccgcccagt accatgcaca 720

ctcctgtccc gaactccctg aggcctcccc tcccttcagg gcacccactg gttcccaggc 780

tggaaccagg gtctctcttt acctcctacc ccatggtggc accacagagg cctcagccg 840

agtcctgcct gagtgttgca agctcaggcc tttaaggact gctgatgccc cctcaggcct 900

ccccaagtt tgctgggcct tgggtggaagc cctgagagct tcaggctcctg ctacagcccga 960

ggagcagtct ggcatgggag tgaggccccg tccttctcac tgcctgggtca catggtgcct 1020

agggatgcag ggctggaggc cagaggtgtc agcaacactg tgaccaccca caacctccag 1080

cctccctttt cagagcacag cattaaagtt tggggaattc tgt

1123

【図面の簡単な説明】

【図 1】 クローンHP03194 がコードする蛋白質の疎水性／親水性プロフィールを示す図である。

【図 2】 クローンHP03219 がコードする蛋白質の疎水性／親水性プロフィールを示す図である。

【図 3】 クローンHP03236 がコードする蛋白質の疎水性／親水性プロフィールを示す図である。

【図 4】 クローンHP03237 がコードする蛋白質の疎水性／親水性プロフィールを示す図である。

【図 5】 クローンHP03267 がコードする蛋白質の疎水性／親水性プロフィールを示す図である。

【図 6】 クローンHP03270 がコードする蛋白質の疎水性／親水性プロフィールを示す図である。

【図 7】 クローンHP03298 がコードする蛋白質の疎水性／親水性プロフィールを示す図である。

【図 8】 クローンHP10631 がコードする蛋白質の疎水性／親水性プロフィールを示す図である。

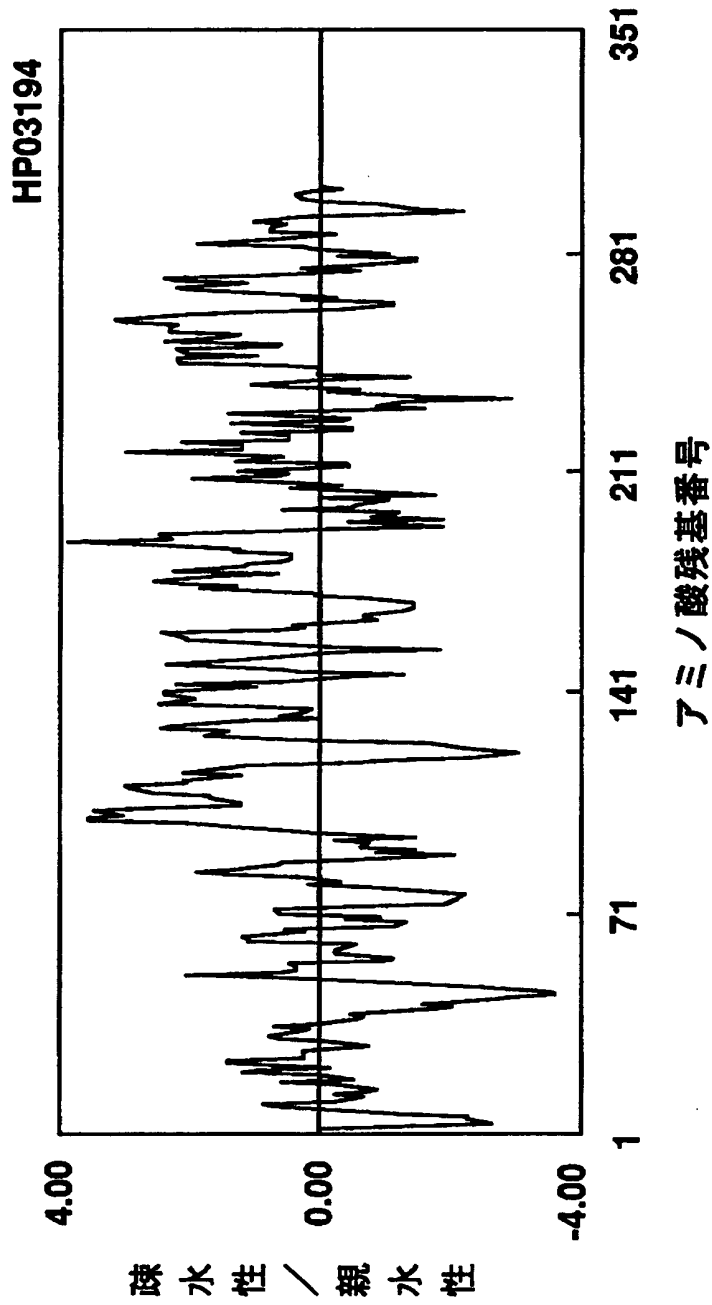
【図 9】 クローンHP10658 がコードする蛋白質の疎水性／親水性プロフィールを示す図である。

【図 10】 クローンHP10663 がコードする蛋白質の疎水性／親水性プロフィールを示す図である。

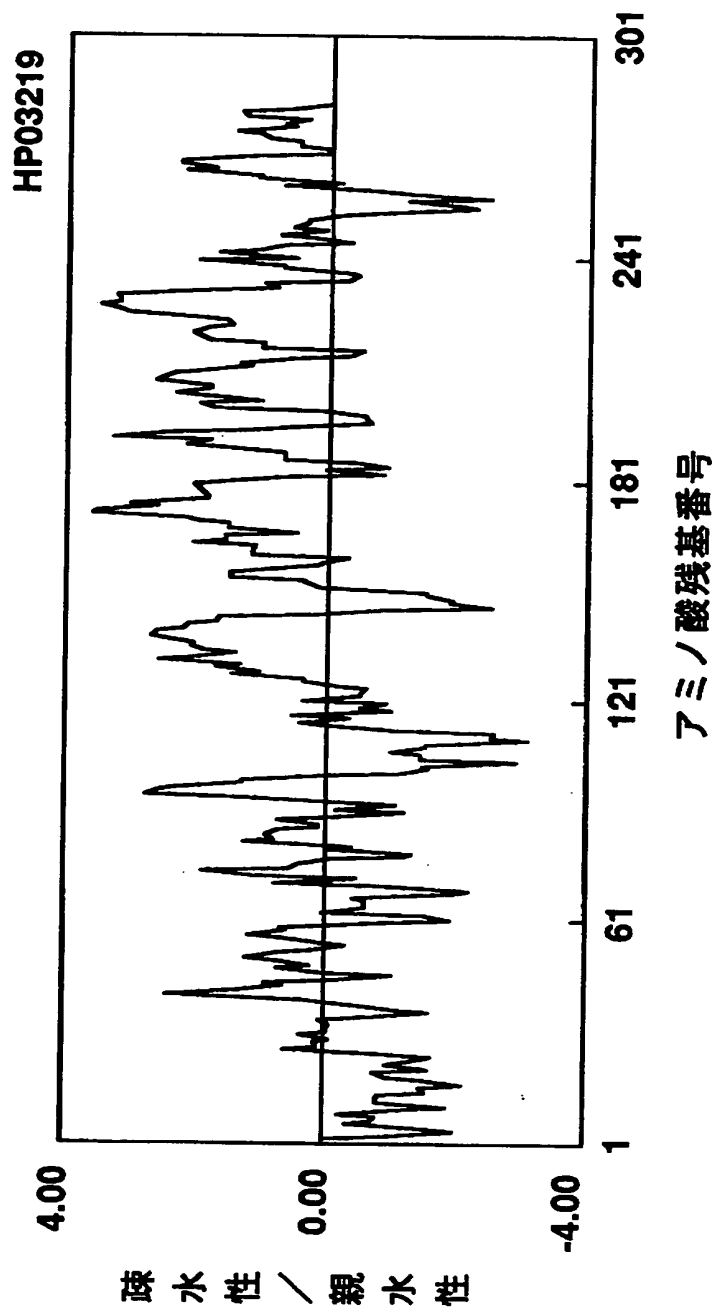
【書類名】

図面

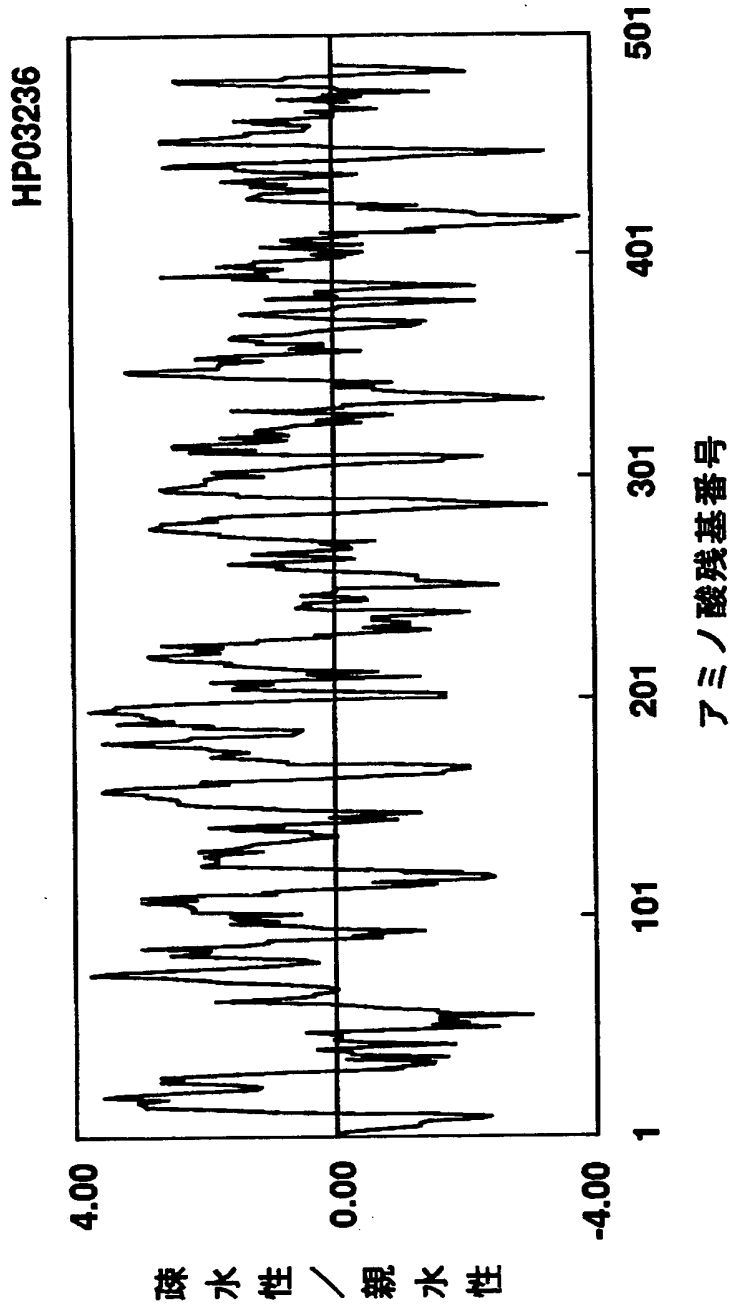
【図 1】



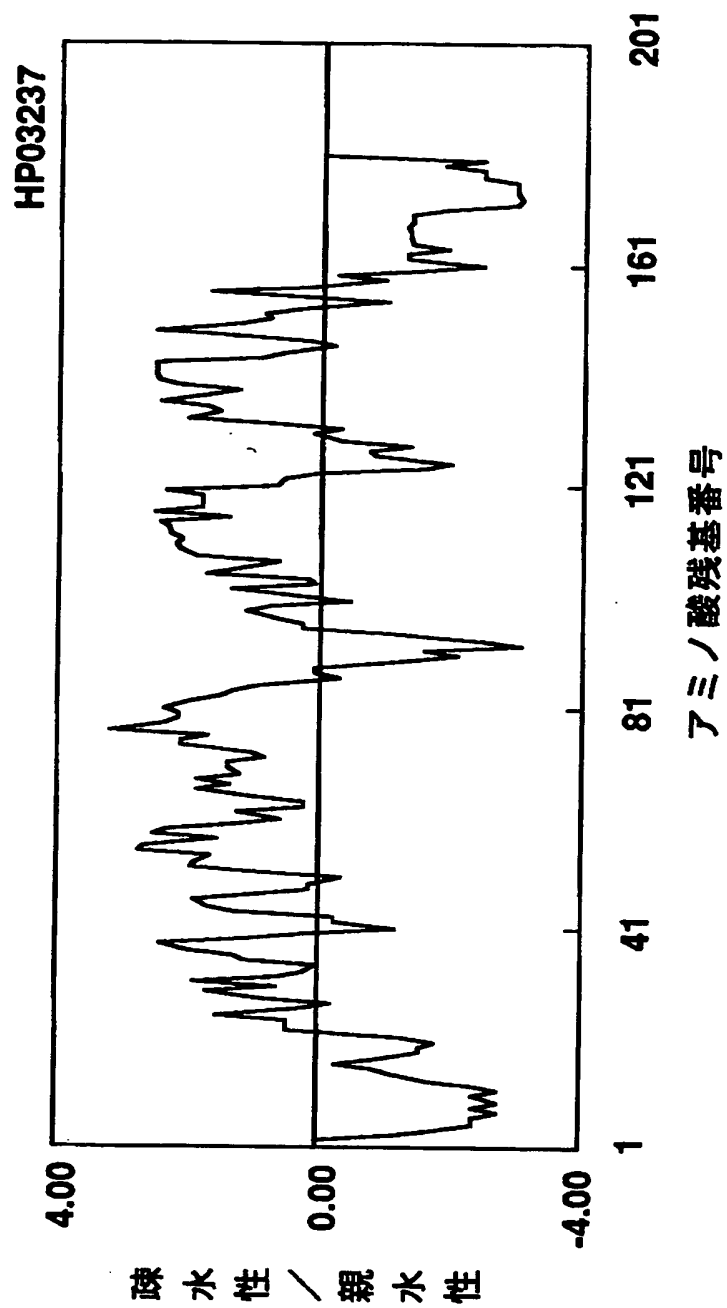
【図2】



【図 3】

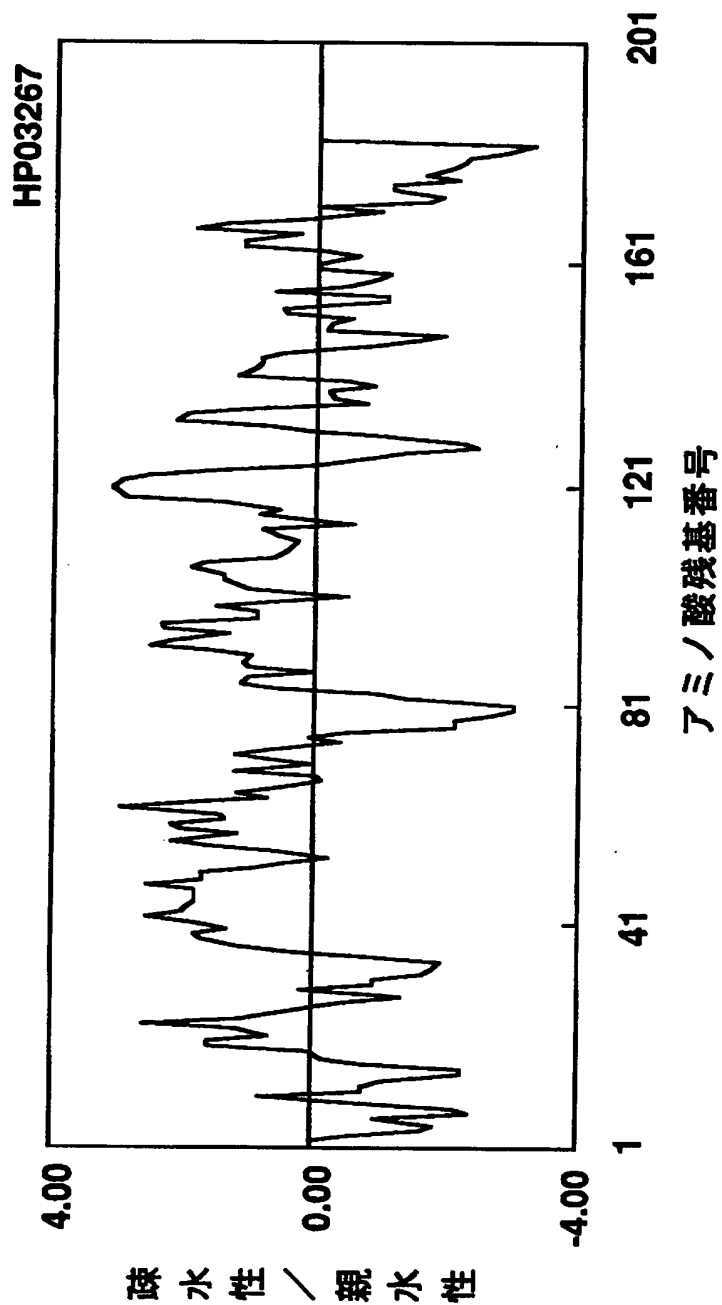


【図 4】

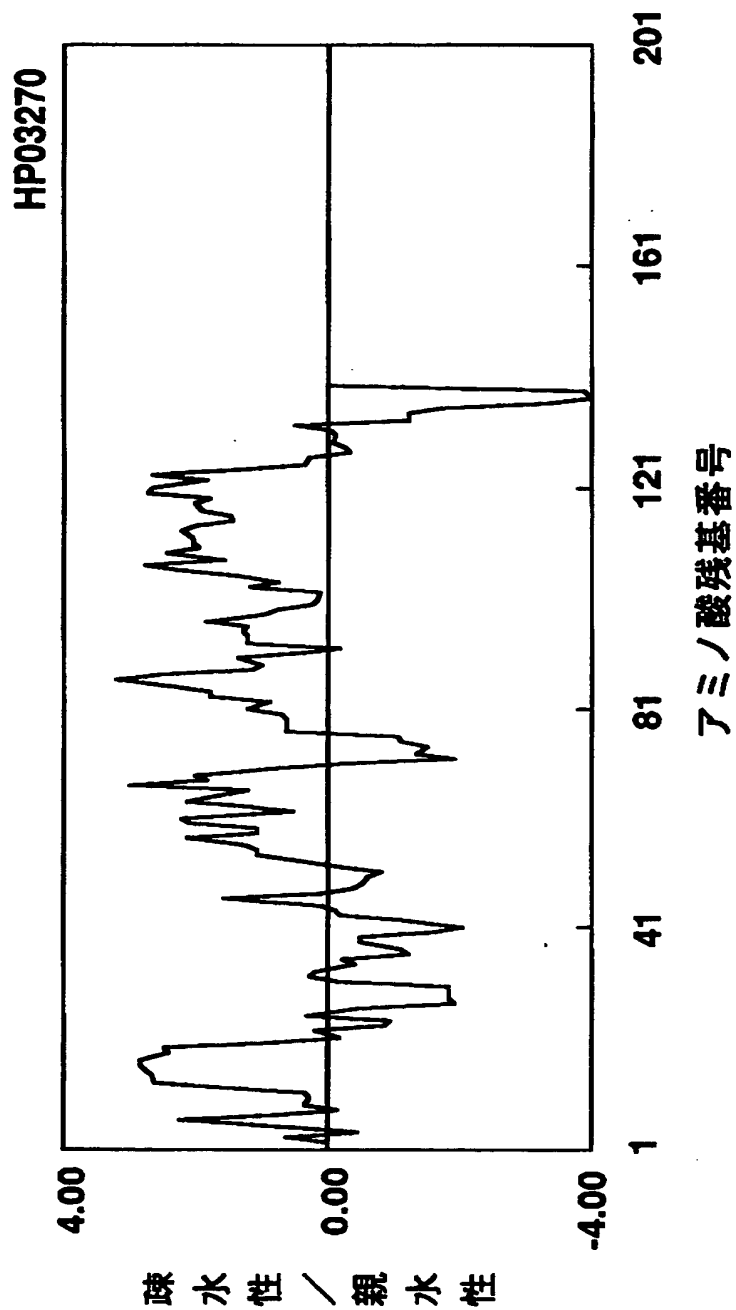




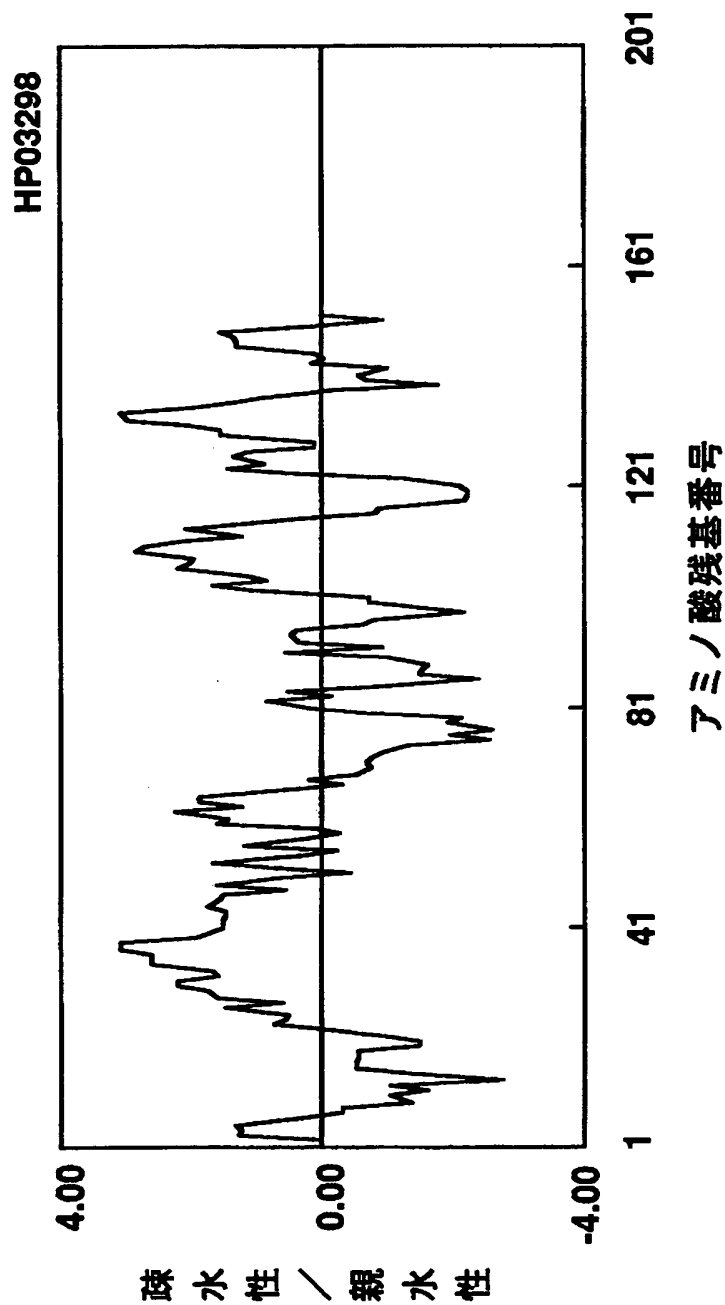
【図 5】



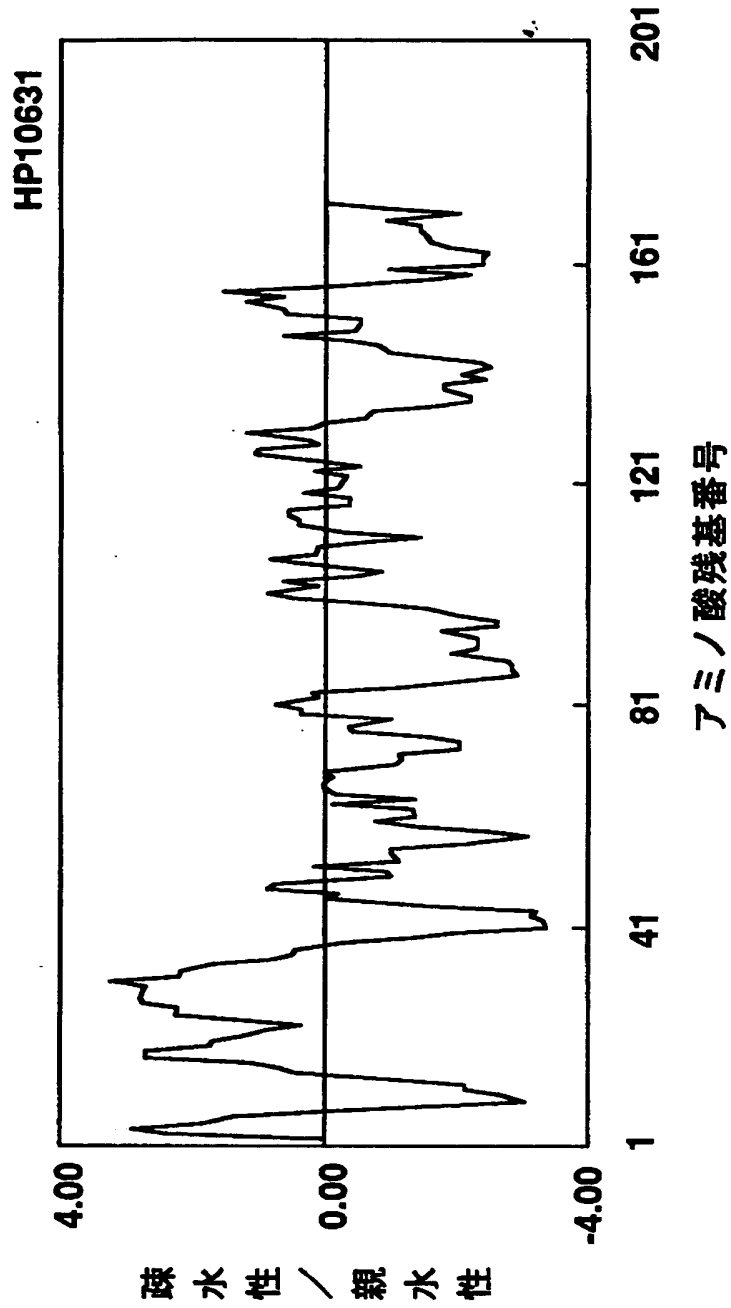
【図 6】



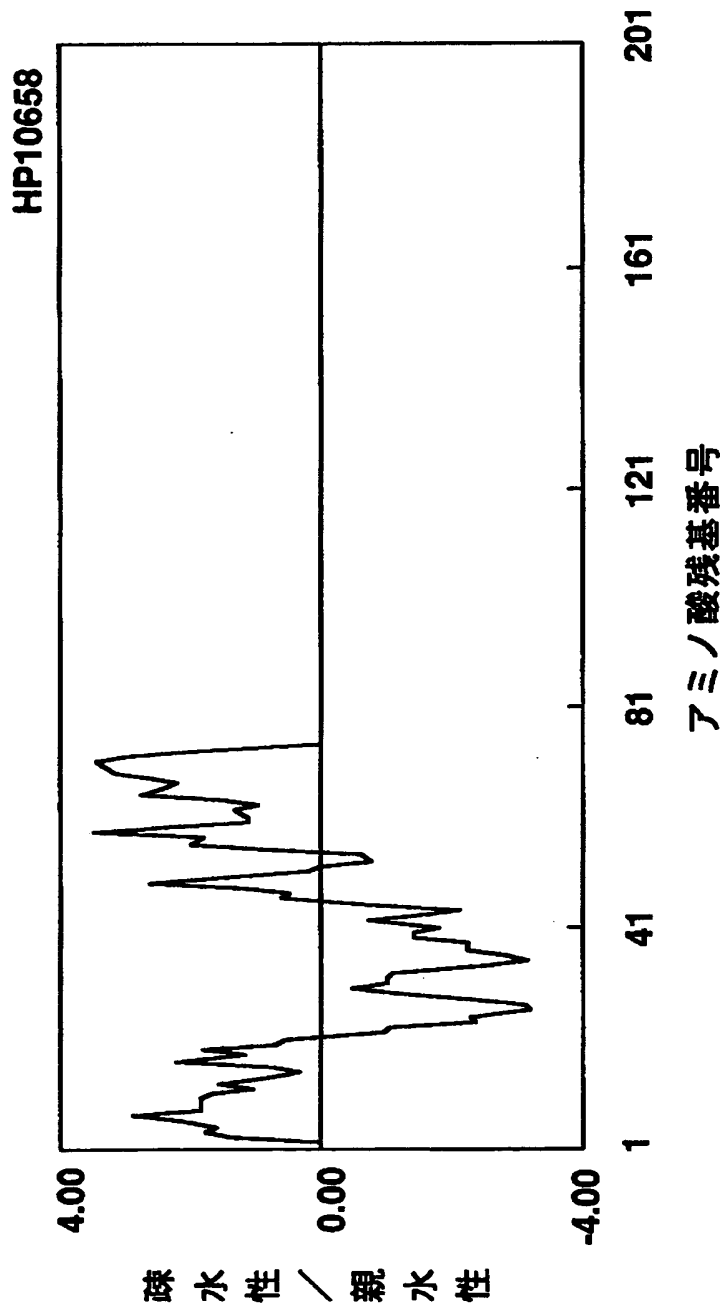
【図 7】



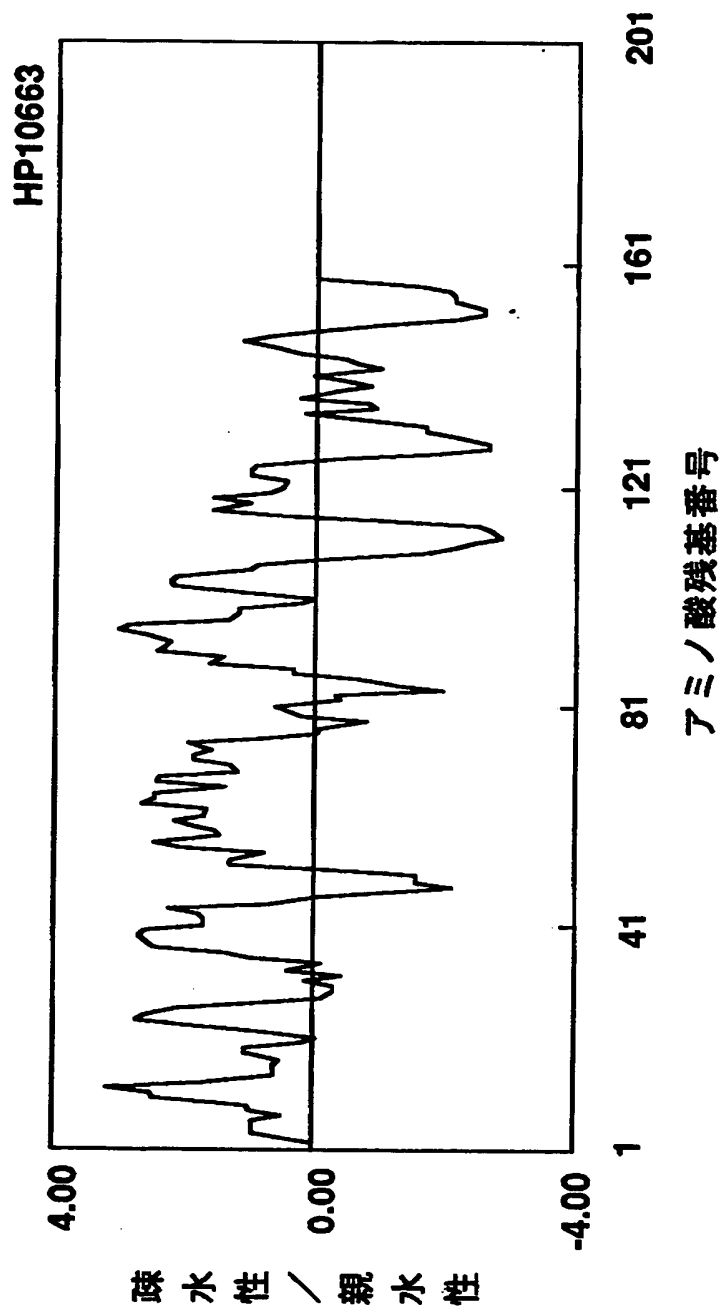
【図 8】



【図 9】



【図 10】



【書類名】 要約書

【要約】

【課題】 疎水性ドメインを有するヒト蛋白質、それをコードしている cDNA、この cDNA の発現ベクター、およびこの cDNA を発現させた真核細胞を提供する。

【解決手段】 配列番号 1 から配列番号 10 で表されるアミノ酸配列のいずれかを含む蛋白質、この蛋白質をコードする DNA、例えば配列番号 11 から配列番号 20 で表される塩基配列を含む cDNA、この cDNA の発現ベクター、およびこの cDNA を発現させた真核細胞。疎水性ドメインを有するヒト蛋白質をコードしている cDNA の組換え体を発現させることにより、この蛋白質並びにこの蛋白質を発現する真核細胞を提供することができる。

【選択図】 なし

認定・付加情報

特許出願の番号	平成11年 特許願 第119299号
受付番号	59900404724
書類名	特許願
担当官	小野田 猛 7393
作成日	平成11年 6月17日

<認定情報・付加情報>

【特許出願人】	申請人
【識別番号】	000173762
【住所又は居所】	神奈川県相模原市西大沼4丁目4番1号
【氏名又は名称】	財団法人相模中央化学研究所
【特許出願人】	
【識別番号】	596134998
【住所又は居所】	東京都目黒区中町2丁目20番3号
【氏名又は名称】	株式会社プロテジーン



出 願 人 履 歴 情 報

識別番号 [000173762]

1. 変更年月日	1995年 4月14日
[変更理由]	住所変更
住 所	神奈川県相模原市西大沼4丁目4番1号
氏 名	財団法人相模中央化学研究所

出 願 人 履 歴 情 報

識別番号 [596134998]

1. 変更年月日 1996年 9月13日  
[変更理由] 新規登録  
住 所 東京都目黒区中町2丁目20番3号  
氏 名 株式会社プロテジーン